

EP 00/02005 04. 2000
BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND

EP 00/02005.



REC'D 10 MAY 2000

WIPO EPO DG RCT

25. 04. 2000

Bescheinigung

4



Die SCHERING Aktiengesellschaft in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Endothelzellen"

am 9. März 1999 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 12 N und C 07 K der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 30. März 2000

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Joost

Aktenzeichen: 199 11 684.9

**PRIORITY
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

A 9161
06.90
11/98



105

Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Endothelzellen

Die Erfindung betrifft Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Angiogenese ist ein Prozeß, der im adulten Lebewesen bei den zyklischen Prozessen der Reproduktion in der Frau, bei der Wundheilung und in verschiedenen pathologischen Situationen zu beobachten ist, wie z. B. Tumorwachstum, rheumatische Erkrankungen, Endometriose, bei der Kollateralenbildung im Herzen und in der Peripherie, etc.

Persistente Angiogenese kann die Ursache für verschiedene Erkrankungen wie Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen und Artheriosklerose sein oder zu einer Verschlimmerung dieser Erkrankungen führen.

Gelänge es, Angiogenese zu induzieren oder zu hemmen, so würden sich mehrere Erkrankungen grundlegend therapieren lassen. Hierzu müßte man die Gene bzw. die für die Angiogenese relevanten Nukleinsäure-Sequenzen kennen. Bisher ist nicht bekannt, welche Gene bzw. Nukleinsäure-Sequenzen oder Teile davon angiogeneserelevant sind.

Es konnten nun Nukleinsäure-Sequenzen gefunden werden, die angiogeneserelevant sind.

Diese Sequenzen sind entweder bisher nicht beschrieben worden oder sie sind nur als Nukleinsäure-Sequenzen aus Nagern bekannt, jedoch ohne Hinweis auf Angiogenese. Weitere Sequenzen sind als humane Gene oder Teile davon

beschrieben, jedoch nicht in bezug auf mögliche angiogeneserelevante Eigenschaften.

Zur Suche nach angiogeneserelevanten Genen wurden Endothelzellen aus

5 Vorhäuten adulter Personen gewonnen, die auf zweierlei Arten kultiviert wurden:

-
- a) auf einer Rattenschwanzkollagenmatrix in subkonfluenter Dichte

und

10

- b) auf einem Gel aus extrazellulärer Matrix (Matrikel).

Unter Kulturform a) bilden die Zellen die klassischen Kopfsteinpflasterartigen Monolayer.

15

Unter Kulturform b) bilden die Zellen netzartige Strukturen mit röhrenförmigen Gebilden.

20

Die Zellkulturform a) stellt einen frühen Angiogenesezustand mit vornehmlich proliferativem Phänotyp dar.

25

Die Zellkulturform b) stellt ein Modell für eine spätere Phase der Angiogenese dar, bei der die Differenzierung der Endothelzellen zu einer Bildung von schlauchförmigen Strukturen führt. Diese Strukturen sind eine Voraussetzung für einen Blutfluß, der von der Gewebsfläche separiert ist.

30

Aus beiden Zellkulturformen wird mRNA isoliert, in cDNA transkribiert, und mit einer Restriktionsendonuklease in Fragmente der Größe von 200 bis 1500 bp geschnitten. Mittels einer subtraktiven PCR-Technik wurden die differentiell vorkommenden Fragmente beider Zustände amplifiziert. Sie wurden in Vektoren eingebaut und kloniert. Die Klone wurden zunächst sequenziert und anschließend wurden ihre Sequenzen mit bioinformatischen Techniken komplettiert.

Mit Hilfe einer quantitativen, in der Literatur beschriebenen PCR-Technik (Pilarsky et al., 1998, s. Versuchsbeschreibung) wurde zunächst untersucht, ob die Gene in den beiden Kulturzuständen differentiell exprimiert sind. Zur Normierung wurde die
5 Expression des 23 kDalton Proteins (s. Versuchsbeschreibung) als interner Marker verwendet. In der differentiellen Expression traten Verhältnisse von 2-7 fach auf.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 gefunden werden, die als Kandidatengene bei der Angiogenese eine Rolle spielen.

10

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der
15 Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

20

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

25

Die Erfindung betrifft weiterhin Nukleinsäure-Sequenzen gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

30

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, die in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 hybridisieren.

5

Die erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 3000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp, besonders bevorzugt eine Länge von 150 bis 2600 bp auf.

10

Mit den erfindungsgemäß Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäß Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

15

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

20

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

25

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

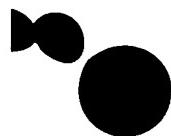
30

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

- 5 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
-

Die erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen können auch zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10



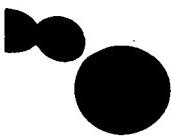
Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

15

Die erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Sequenzen enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

20

Die die Nukleinsäure-Sequenzen enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.



25

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

30

Die erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

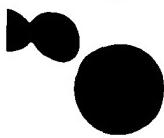
Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, die von den erfinderischen Teilsequenzen exprimiert werden.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den Polypeptiden aufweisen.

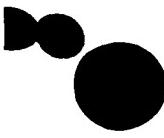
10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq.

ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert werden.



Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15 Die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen kodierten Polypeptide können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen bei angiogenen Erkrankungen verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.



Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

25 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimierten Polypeptide als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogener Erkrankungen, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogener Erkrankungen.

30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren bzw. die über diese Nukleinsäuren exprimierten Proteine können somit entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie,

Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artheriosklerose und

5 Verletzungen des Nervengewebes zum Einsatz kommen.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptidsequenz enthalten, die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimiert werden.

10 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische
20 BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen
25 Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden.

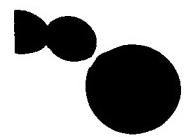
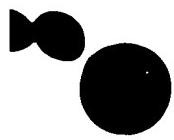
Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle
30 Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

5

ORF = ~~Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren,~~
die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.



Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

1. Suche nach angiogeneserelevanten Kandidatengenen

10 1.1 Verwendete Zellen

Primäre, humane, mikrovaskuläre Endothelzellen (MVEC) wurden aus menschlichen Vorhäuten präpariert und mittels biotinyliertem anti CD31 (PECAM) Antikörper selektioniert (Referenz).

15 Kulturbedingungen: 37°C, 5%CO₂

Medium: M199, 10% FCS, 10% Humanserum, 6µg/ml ECGF, 1mM Natriumpyruvat, 3 U/ml Heparin, 100 U/ml Penicillin, 100µg/ml Streptomycin, 1x nicht essentielle Aminosäuren

20

1.2 Kultivierung und RNA-Präparation

Für die Kulturform a) werden die Zellen auf mit Collagen I beschichtetem Plastik kultiviert. Für die Kulturform b) werden die Zellen auf einem Gel aus extrazellulären 25 Matrixproteinen ausgebracht. Das dazu verwendete Matrikel (Becton Dickinson) wurde 1 zu 1 mit M199 Medium verdünnt, in der Kälte in das verwendete Kulturgefäß gegossen (60µl/cm²) und bei 37°C für 30 min. gelöst. Anschließend wurden die Zellen ausgebracht.

Für Kulturform a) und b) wurden MVEC in einer Dichte von 2x10⁴/cm² ausgebracht 30 und für 7h bei 37°C, 5% CO₂ inkubiert.

Die Gesamt-RNA-Präparation wurde nach der Guanidinium Thiocyanat Methode mit anschließender Zentrifugation durch ein Caesiumchlorid-Kissen durchgeführt

(Sambrook J., Fritsch E. F., and Maniatis T.; 1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory Press).

Die polyA⁺ RNA-Selektion wurde über oligo(dT)-Zellulosesäulen (mRNA Purification Kit, Pharmacia Biotech) durchgeführt.

5

1.3 Erstellen von subtraktiven cDNA-Banken

Die Subtraktion wurde nach der Methode von Diatchenko et al. (Proc. Natl. Acad.

10 Sci. U.S.A., 1996 Jun 11, 93:6025-30) mit Hilfe des PCR-Select cDNA Subtraction Kit durchgeführt.

Die polyA⁺ RNA, die die Zielsequenzen enthält, wird als Tester, die davon abzuziehende polyA⁺ RNA als Driver bezeichnet.

15 Es wurden 2 Subtraktionen durchgeführt, wobei einmal die polyA⁺ RNA der Kulturform a) und einmal die polyA⁺ RNA der Kulturform b) als Tester diente. Die folgende Versuchsbeschreibung stellt exemplarisch nur eine Subtraktion dar.

1.4 Synthese von doppelsträngiger cDNA (ds cDNA)

20

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wird eine doppelsträngige cDNA-Synthese durchgeführt.

1. Strang-Synthese

25

Die Strangsynthese wird mit folgendem Ansatz durchgeführt:

polyA⁺ RNA 2µg

cDNA-Synthese Primer(10µM) 1µl

Wasser add 5µl

30

Die Reaktionen werden für 2 min. bei 70°C und anschließend 2 min auf Eis inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde folgendes zugegeben:

| | |
|--|-----|
| 5x First-strand buffer (250mM Tris-HCL, pH8, 330mM Mg-Chlorid, 375mM KCl) | 2µl |
| 10mM dNTP | 1µl |
| 5 Wasser | 1µl |
| <u>MMLV reverse transcriptase (200 U/µl)</u> | 1µl |

Die Reaktionen wurden für 90 Minuten bei 42°C und anschließend für 2 Minuten auf Eis inkubiert.

10

2. Strang-Synthese

Die 2. Strang-Synthese wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

| | |
|--------------------|------|
| 1. Strang-Synthese | 10µl |
|--------------------|------|

15

| | |
|--------|--------|
| Wasser | 48,4µl |
|--------|--------|

5x Second-strand buffer(500mM KCL, 50mM Ammoniumsulfat,

25mM Mg-Chlorid, 0,75mM β-NAD, 100mM Tris-HCL, pH7,5,

0,25mg/ml BSA) 16µl

10mM dNTP 1,6µl

20

20x Second-strand enzyme cocktail (DNA Polymerase 1 6U/µl

Rnase H 0,2U/µl, *E. coli* DNA Ligase 1,2U/µl) 4µl

Die Reaktionen wurden für 2h bei 16°C inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde T4 DNA Polymerase wie folgt zugegeben:

25

T4 DNA Polymerase 3U/µl 2µl

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 16°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende

30

Zusammensetzung aufweist:

20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen) 4µl

Es wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die Pellets wurden in je 50µl Wasser resuspendiert.

5 **1.5 Rsa I-Verdau der ds cDNA**

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wurde ein Rsa I-Verdau durchgeführt. Hierzu wurden folgende Lösungen verwendet:

| | | |
|----|--|--------|
| 10 | ds cDNA | 43,5µl |
| | 10x Rsa I Restriktionspuffer (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0, 100mM Mg-Clorid, 1mM DTT) | 5µl |
| | Rsa I (10U/µl) | 1,5µl |

15 Die Reaktionen wurden für 90 min bei 37°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden anschließend mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende Zusammensetzung aufweist:

| | | |
|-----------------------------------|------------------|-------|
| 20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA | 1mg/ml Glykogen) | 2,5µl |
|-----------------------------------|------------------|-------|

20

Anschließend wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die hierbei entstehenden Pellets wurden in je 5,5µl Wasser für die weitere Verarbeitung resuspendiert.

25

1.6 Adaptor-Ligation an Rsa I verdaute ds Tester cDNA

Die Tester-cDNA wurde in 2 Fraktionen aufgeteilt. An jede Tester-Fraktion wurde ein Adapter ligiert. Die Konzentrationen der verwendeten Substanzen für die beiden

30

Tester sind im einzelnen in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

| | <u>Tester-1</u> | <u>Tester-2</u> |
|--|-----------------|-----------------|
| Tester-cDNA | 0,1µl | 0,1µl |
| 5x Ligationspuffer (250mM Tris-HCl, pH7,8 50mM MgCl2 | 2µl | 2µl |
| 10mM DTT 0,25mg/ml BSA) | | |
| T4 DNA Ligase (400U/µl) | 1µl | 1µl |
| Adaptor 1 (10µM) | 2µl | -- |
| Adaptor 2 (10µM) | -- | 2µl |
| H2O | 4,9µl | 4,9µl |
| Gesamtvolumen | 10µl | 10µl |

Die Reaktionen wurden über Nacht bei 16°C inkubiert und anschließend mit EDTA abgestoppt (20x EDTA/Glykogen Mix, 1µl (200mM EDTA,1mg/ml Glykogen)).

- 5 Die Reaktionen wurden für 5 min bei 72°C inkubiert.

1.7 Subtraktive Hybridisierungen

- 10 Die Driver und Tester wurden anschließend miteinander in zwei Schritten hybridisiert.

Hybridisierung

15

Die erste Hybridisierung wurde für die beiden Reaktionen mit den in der folgenden Tabelle aufgeführten Lösungen und Verbindungen durchgeführt.

| | Reaktion 1 | Reaktion 2 |
|-----------------------------|------------|------------|
| Rsa I verdaute Driver cDNA | 1,5µl | 1,5µl |
| Adaptor 1 ligerter Tester 1 | 1,5µl | -- |
| Adaptor 2 ligerter Tester 2 | -- | 1,5µl |
| 4x Hybridisierungspuffer | 1µl | 1µl |
| Gesamtvolumen | 4µl | 4µl |

Die Reaktionen wurden für 90 sek bei 98°C und anschließend direkt für 8h bei 68°C inkubiert.

1. Hybridisierung:

Für die 2. Hybridisierung wurden Reaktion 1 und 2 gemischt und frisch denaturierter Driver wie folgt zugegeben:

10

| | |
|--------------------------|-----|
| Driver | 1µl |
| 4x Hybridisierungspuffer | 1µl |
| Wasser | 2µl |

1µl dieser Mischung wurde für 90 sek bei 98°C inkubiert und anschließend möglichst schnell mit Reaktion 1 und Reaktion 2 fusioniert.

Die 2. Hybridisierung wurde bei 68°C über Nacht inkubiert. Anschließend wurden zur 2. Hybridisierung 200µl Verdünnungspuffer (20mM HEPES-HCl (pH8,3), 50mM NaCl, 0,2mM EDTA (pH8,0)) zugegeben. Danach wurde die 2. Hybridisierung für 7 min bei 68°C inkubiert. Der so hergestellte Ansatz wurde dann für die PCR eingesetzt.

Differentiell exprimierte Fragmente in den subtrahierten cDNA Pools wurden über zwei aufeinanderfolgende PCRs selektiv amplifiziert.

Die 1. PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

25

| | |
|---|--------|
| 10x PCR-Puffer (400mM Tricine-KOH, pH9,2, 150mM KOAc, | |
| 35mM MG(OAc)2, 37,5µg/ml BSA) | 2,5µl |
| 10mM dNTP | 0,5µl |
| PCR Primer 1 (10µM) | 1µl |
| 5 50x Advantage cDNA Polymerase | 0,5µl |
| verdünnte 2. Hybridisierung | 1µl |
| Wasser | 19,5µl |

| | |
|--|--------------|
| Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt: | 75°C, 5 min |
| 10 Schleife | 94°C, 30 sek |
| | 66°C, 30 sek |
| | 72°C, 90 sek |

Insgesamt wurden 27 Zyklen durchgeführt.

15

Die zweite PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

| | |
|-------------------------------|--------|
| 10x PCR-Puffer | 2,5µl |
| 10mM dNTP | 0,5µl |
| 20 nested PCR-Primer 1 (10µM) | 1µl |
| nested PCR Primer 2R (10µM) | 1µl |
| 50x Advantage cDNA Polymerase | 0,5µl |
| PCR Produkt | 0,1µl |
| H2O | 19,4µl |

25

| | |
|--|--------------|
| Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt: | 94°C, 30 sek |
| | 68°C, 30 sek |
| | 72°C, 90 sek |

Insgesamt wurden 12 Zyklen durchgeführt.

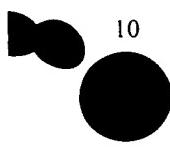
30

Die Subtraktionseffizienz wurde durch eine semi-quantitative PCR für ein bekanntes nicht reguliertes Gen (SH3P18) überprüft. Es zeigte sich eine Reduktion in dem subtrahierten cDNA Pool um einen Faktor von 150- 200.

5

2. Ligation der subtrahierten cDNA Pools in pUC 18

Die vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools wurden in pUC 18 Sma I/BAP ligiert (SureClone Ligation Kit, Pharmacia Biotech) und anschließend in chemisch kompetente E. coli DH5 α kloniert.

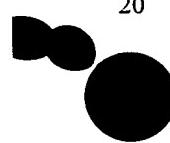


10

Die Fragmente der subtrahierten cDNA Pools wurden dazu zu Blunt-Enden aufgefüllt und phosphoryliert. Folgende Zusammensetzungen wurden hierfür verwendet:

15

| | | |
|------------------------------|-----|-------|
| Subtrahierter cDNA Pool | | 1,5µg |
| Klenow Fragment | | 1µl |
| 10x Blunting/Kinasing Buffer | | 2µl |
| Polynucleotide Kinase | | 1µl |
| Wasser | add | 20µl |



20

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 37°C inkubiert, anschließend über PCR Purification Columns aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Anschließend wurde die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

2.1 Ligation in pUC 18

Die Ligation in pUC 18 wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

| | |
|----------------------------|------|
| Blunt-ended cDNA Pool | 50ng |
| pUC 18 Sma I/BAP (50ng/µl) | 1µl |

| | |
|-----------------------|----------|
| 2x Ligationspuffer | 10µl |
| DTT | 1µl |
| T4 DNA Ligase (6U/µl) | 3µl |
| Wasser | add 20µl |

5

Die Reaktionen wurden über Nacht bei Raumtemperatur inkubiert.

2.2 Transformation der Ligationen in E. coli DH5 α

10

Die Ligationen wurden in chemisch kompetente E. coli DH5 α transformiert.

Die transformierten Zellen wurden auf 2YT Agarose-Platten mit 100µg/ml Ampicilin, 625µM IPTG und 0,005% X-Gal ausgestrichen und über Nacht bei 37°C angezogen.

Auf 17 zufällig ausgewählten, weißen Klonen wurde eine Kolonie-PCR mit Vektor-
15 Primern (M13 Standardprimer) durchgeführt. 15-16 Klone zeigten dabei Inserts mit einer Größenverteilung, die der des verwendeten cDNA Pools entsprach.

Für jede Subtraktion wurden 1536 Klone in 384-well Platten mit 50µl 2YT, 1xHMF, 100µg/ml Ampicilin pro well transferiert. Die gefüllten 384-well Platten wurden über Nacht bei 37°C inkubiert und konnten dann bei -80°C gelagert werden.

20

3. Herstellung von Kolonie-Filtern:

Die 1536 Klone einer subtraktiven cDNA Bank wurden auf eine Hybond Nylon N+

25 Membran (Amersham) angeimpft. Die Membran wurde auf eine 2YT Agarose-Platte mit 100µg/ml Ampicilin gelegt und über Nacht bei 37°C inkubiert. Die Membran wurde mit der Kolonie-Seite nach oben für 4 min auf in Denaturierungslösung (0,5M NaOH, 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier gelegt. Anschließend wurde die Membran für 4 min auf in Neutralisierungslösung (1M Tris-HCl (pH7,5), 1,5M
30 NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier inkubiert. Die Membran wurde dann für 1h bei 37°C mit Proteinase K behandelt. Die Membran wurde dazu in 300ml Proteinase K Puffer (50mM NaCl, 5mM EDTA, 10mM Tris-HCl (pH8), 50mg/ml Proteinase K)

getaucht. Schließlich wurde die Membran bei 80°C für 3h getrocknet und wurde dann für die Hybridisierungen verwendet.

5 4. Differentielle Hybridisierung:

Um die differentielle Expression der klonierten Fragmente nachzuweisen wurde mit Hilfe eines PCR-Select Differential Screening Kits eine differentielle Hybridisierung auf Kolonie-Filtern der subtraktiven cDNA-Banken durchgeführt.

- 10 Für eine spezifische Hybridisierung der vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools auf die subtraktiven cDNA-Bank Kolonie-Filter war es notwendig die Adapter-Sequenzen in der Hybridisierungsprobe zu entfernen.

- 15 Als Hybridisierungsproben für die Rsa I-Restriktion der subtrahierten cDNA Pools wurden eingesetzt:

| | |
|------------------------------|------------------------------------|
| cDNA Pool | 28µl |
| 10x Rsa I Restriktionspuffer | (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0) |
| 100mM Mg-Chlorid, 1mM DTT) | 3µl |
| Rsa I (10U/µl) | 2µl |

Die Reaktionen wurden bei 37°C für 5h inkubiert und anschließend über PCR-Reinigungssäulen aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

5. Radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools

- Die radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:
- | | |
|-----------|--------------|
| cDNA Pool | 150ng in 9µl |
|-----------|--------------|

3. Berechnung einer Konsensus-Sequenz aus den assemblierten Sequenzen.

Nun wird versucht die Konsensus-Sequenz in gleicher Weise zu verlängern. Diese

- 5 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenz fortgesetzt, bis keine
weitere Verlängerung mehr möglich ist.
-

10. Gefundene Nukleinsäure-Sequenzen

10

Analog der unter 1 bis 9 beschriebenen Verfahrensweise wurden z. B. folgende Sequenzen gefunden, von denen einige mehrfach in Kulturform a) oder Kulturform b) der Endothelzellen überexprimiert werden.

15

Diese Nukleinsäure-Sequenzen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die mögliche Funktion dieser Genbereiche betrifft die Angiogenese.

20

Das Ergebnis ist in der folgenden Tabelle I dargestellt:

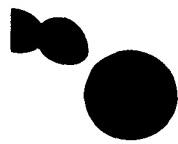


TABELLE I

| Seq ID No | Expression | Funktion | Homologie |
|-----------|-----------------------------|--|--|
| 1 | überexprimiert in a) | Assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 2 | überexprimiert in a) | Assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 3 | überexprimiert in b) | Assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 4 | 3-fach überexprimiert in b) | gap junction, assoziiert mit Differenzierung | connexin37; 96% Identität über 933 bp. |
| 5 | überexprimiert in a) | Assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 6 | 2-fach überexprimiert in b) | Assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 7 | überexprimiert in a) | Assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 8 | überexprimiert in b) | Assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 9 | überexprimiert in b) | Assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 10 | überexprimiert in b) | Assoziiert mit Differenzierung | SPRY2; 99% Identität über 1489 bp. |
| 11 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 12 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | mouse Gas5; 78% Identität über 121 bp. |
| 13 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 14 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 15 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 16 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 17 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 18 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 19 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 20 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 21 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |

| Seq ID-No | Expression | Funktion | Homologie |
|-----------|-----------------------------|---|--|
| 22 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 23 | 5-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | mouse MMP; 83% Identität über 831 bp. |
| 24 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 25 | 4-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 26 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 27 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 28 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | KIAA0255; 57% Identität über 326 bp. |
| 29 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | thymic epithelial cell antigen; 68% Identität über 326 bp. |
| 30 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 31 | 4-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 32 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 33 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 34 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 35 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 36 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 37 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | CL-20; 87% Identität über 122 bp. |
| 38 | 5-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | mouse Numb; 90% Identität über 310 bp. |
| 39 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 40 | überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 41 | 5-fach überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 42 | 6-fach überexprimiert in a) | Coreprozessor, assoziiert mit Proliferation | SMRT; 99% Identität über 785 bp. |
| 43 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 44 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 45 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 46 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |

| Seq ID-No | Expression | Funktion | Homologie |
|-----------|-----------------------------|---|-------------------------------------|
| 47 | 5-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung | Keine |
| 48 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | MUC18; 99% Identität über 780 bp. |
| 49 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 50 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 51 | 3-fach überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 52 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 53 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 54 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 55 | 7-fach überexprimiert in a) | assoziiert mit EC Proliferation und Migration | CYR61; 100% Identität über 2015 bp. |
| 56 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 57 | überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 58 | 3-fach überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation | Keine |
| 59 | überexprimiert in b) | Assoziiert mit Differenzierung | Keine |

a), b) = Kulturformen

5

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 der ermittelten Kandidatengene werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

15

Sequenzprotokoll

5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: Schering Aktiengesellschaft
(B) STRASSE: Müllerstraße 178
10 (C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-13303
(G) TELEFON: (030)-4681 2085
(H) TELEFAX: (030)-4681 2058

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus
humanen Endothelzellen

20

(iii) Anzahl der Sequenzen: 59

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
25 (B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1835 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

25

```

ttttacagtt ttcctttct tcagagtttta tttgaattt tcattttgg ataaccaagc 60
agctcttaa gaagaatgca cagaagagt attctggcac tttggatag tacataagat 120
tttcttttt ttttttaaat ttttttaat agtcacattc agctcgctt ctc当地accag 180
actccacat tgggtgagca agatgagccc ataggattcc agagtaata cgtaaccgt 240
tatacaaaca gccaaaaaaaaac cataatggtg ccacaggat ggagcaggga agggcatctc 300
taacgtgtcc tctagtctat ctgcgttaaa cagaacccac gttacacatg ataactagag 360
agcacactgt gttgaaacga ggatgctgac cccaaatggc acttggcagc atgcagttt 420
aagcaaaaga gacatcctt aataactgta taaaatccag gcagttccat taaagggtt 480
aagaaaaacca acaacaacaa aaagcgaggg actgtctgtt gtcactgtca aaaaggcact 540
tggagttaat gggaccagga ttggaggact ctttagctgat acagattca gtacgatttc 600
attaaaaggc ttggatgtta agagaggaca ctcagcggtt cctgaaggga gacgctgaga 660
tggaccgctg agaagcggaa cagatgaaca caaaggaatc aaatcttac aaccaaattt 720
35      catttaagcg acaacaaaaa aaggcaaacc cccaaacgca acctaaccac agcaaaatct 780
aagcaaaatc agacaacgaa gcagcgatgc atagcttcc tttgagagaa cgcataacctt 840
gagacgctac gtgcacaccc taaagttctcaa cgacagcttc acagtaggat tatttgtata 900
aaaatgactc aagcgatgca aaaagttca tctgttccca gaatccgagg gagaactgag 960
gtgatcgta gagcatagcg acatcacgtg cggttctta atgtccctgg tggcggatac 1020
40      gccgagtcct cggaaggaca tctggacacc acttcagcc acctccttgc agggcgaca 1080

```

tccgccaag tcatccctta ttccgagtaa taacttaat tccttctaa catttacacg 1140
 gcaaacagga atgcagtaaa cgtccacgtc cgtcccacgg ctgggctgcc gttccgttc 1200
 ctccacgaac gggtagcgc ttccatgaga aaggatattt ggcaatttta tattccacag 1260
 5 tcaggtgggt ctgcgatagc tcatttaatg taaaacgcca tcaggggcct ctccctccgt 1320
 ttctgccagg ggctttctt gtcttctcct tggcgagctc gtggcagat cttctctgg 1380
 gggggctggc tgctggctcc gagggggcat ccgcagtccg tctggtcgtc tcctccgtca 1440
 ggctgggcag ctggccacca cttctccgac tcgaccctc caacaagcat cgcaaggcac 1500
 tgtcctcggg ggtacagacc gtggtcccac attcgctacc actctgttcc acgtcatcca 1560
 ggtacacgag ctgcgtgttag gccgtgctgt ctggggctcg aggctcttc tgctgggtg 1620
 10 ~~cgtggacggg cgggttagttc tgctgcagag acaaagcatc tcccccttccc ttccgggttg~~ 1680
 attttggttc attcatatct acgccagagt ccaaactggc atcattactt ccgttccttc 1740
 cagcttttg gagaatcaat gtatgaatgt ctaacctgac cggtggacct gccatccaag 1800
 gagacgaacc acgcccgggg gtgcggaagc ggct

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
- 20 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

35 **(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

5 gttctagatt gtttattca gtaattagct cttaaagaccc ctggggcctg tgctacccag 60
 acactaaca cagtcttat ccagttgtg gttctgggtg acgtgatctc cccatcatga 120
 tcaacttact tcctgtggcc cattaggaa gtggtgacct cgggagctat ttgcctgttg 180
 agtgcacaca cctggaaaca tactgctctc attttttcat ccacatcagt gagaaatgag 240
~~tggeeeegtta~~ ~~geaagatata~~ ~~actatgeaat~~ ~~cateaaaaa~~ ~~agetgeetaa~~ ~~taaeatttea~~ 300
 10 tttattacag gactaaaagt tcattattgt ttgttaaagga tgaattcata acctctgcag 360
 agttatagtt catacacagt tgatttccat ttataaaggc agaaagtctt tgttttctct 420
 aaatgtcaag ctttgactga aaactcccgt tttccagtc actggagtgt gtgcgtatga 480
 aagaaaatct ttagcaatta gatgggagag aaggaaata gtacttgaaa tgtagggccct 540
 cacctccccca tgacatcctc catgagcctc ctgatgtagt g

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 516 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

5 tagagatgtt ggttgatgac ccccgggatc tggagcagat gaatgaagag tctctggaag 60
 tcagcccaga catgtgcata tacatcacag aggacatgct catgtcgccg aacctaatt 120
~~gacactctgg gttgattgtg aaagaaattt ggtcttccac ctgcagctct tcagaaacag~~ 180
 ttgttaagct tcgtggccag agtactgatt ctcttccaca gactatatgt cgaaaccaa 240
 agacccac tgatcgacac agcttgagcc tcgatgacat cagactttac cagaaagact 300
 10 tcctgcgcac tgcaggctcg tgcaggaca ctgctcagag ttacacccctt ggatgtggcc 360
 atgaactgga tgaggaaggc ctcttattgca acagttgctt ggcccaagcag tgcataaca 420
 tccaagatgc ttttccagtc aaaagaacca gcaaataactt ttctctggat ctcactcatg 480
 atgaagttcc agagttgtt gtgtaaagtgc cgctcg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1099 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5

```

cccacaacac aggggcctg aaacacgcca gcctctcctc tgggtcagc ttggccagt 60
cctgctca ctggatcacagc ccattgttagg tggggcatgg tggggatcag ggccctggc 120
ccacggggag gtagaagaag acctggtccg tgtaagggtc tgagaagggtg ccctgggtcg 180
ggggtgcgtc ttggccttgc cgtgccctca tccccccgct gaggcagcga cacagcaggt 240
10 gcacccaactc cagcaggtta agcaccagg agatgagtcc aaccaccaac atgaagatga 300
tgaagatgg tttctccgtg gggcgagaga caaagcagtc cacgaggttag gggcagggtg 360
ctcgctggca cacaacacg ggctccatgg tccagccgt aaggcggccac tggccataga 420
ggaaggcctgc ctctagcaca ctcttgcaga gcacactggc gacataggtg cccatcagt 480
ctccgcggat gcgcaggcga ccatcttctg ccaccgagat cttggccatc tgacgctcta 540
cggccgcccag cgcccgtcc acctgtgggt cttggccgg cagtggccgc agctccccct 600
ccttctgccc cagccgtct tctcgccgag acaggtaaat gacatggccc aggttagacca 660
gggtgggtgt gctgacgaag aggaactgca gcacccagta gcggatgtgg gagatggga 720
aggcctggtc atagcagacg ttgggtcagc ctgctggc cgtgttacac tcgaaatctg 780
actgctcgtc accccacact gactcgccgg ccaggcccag gatgaggatg cggaagatga 840
20 agagcaccgt cagccagatc ttacccacca cggtcagtg ctcctggacc tggtccagca 900
acttctccac gaagccccag tcacccatgg ctccggggcc tccgtcggca aggagacaga 960
gcacgtcagt gtgtcagcat ggcatccctc tcgttcggcc agcaacaagc ctgcaggagg 1020
gtctgccacg cccgttctac cgcctgcctg ccggcggcc caggtggagg tggggacgat 1080
ggccggagtg acgcccgcg

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- ~~(A) BIBLIOTHEK: cDNA library~~

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

10

gaggataggg agcctgggt caggagtgtg ggagacacag cgagactctg tctccaaaaaa 60
 aaaaagtgtctttgaaaat gttgagggttggaaatgtggg aaccaacatt ctttgaggatt 120
 agtggggagcataatagcaa acacccctt gttcgacatatgtacaggaa tgggaccagg 180
 ttggggcaca gccatggact tccccgcctt ggaatgtgtgtgcaaaagtggggccagg 240
 ccagacccaa gaggagaggg tggtccgcag acacccggg atgtcagcat ccccccggac 300
 gccttcggc ggcacccccc ggggtctgtt tgagtcagc aggcatgggg tgagagcctg 360
 gtatatgctggaaacagggt gcagggggca agcgttcctc cttcagccctt gacttgggcc 420
 atgcacccccc tctccccca acacaaacaa gcacttctcc agtatggtgc caggacaggt 480
 20 gtcccttcag tcctctggtt atgacactcaa gtcctacttg ggccctgcag cccagcctgt 540
 gttgtaacct ctgcgtcctc aagaccacac ctggaagatt cttcttcctt ttgaaggaga 600
 atcatcatttgc ttgctttatc acttctaaga cattttgtac ggcacggaca agttaaacag 660
 aatgtgcttc cttccctggg gtctcacacg ctcccacag aatgccacag gggccgtgca 720
 25 ctgggcaggcttctgttag aaccccagggg gttcgccccc agaccacagc gtcttgcctt 780
 gagcctagag cagggagttcc cgaacttctg cattcacaga ccacctccac aattgttata 840
 accaaaggcc tcctgttctg ttatttcaact taaatcaaca tgctattttgg ttttcaactca 900
 cttctgactt tagcctcgtt ctgagccgtt tatccatgca gtcatgttca cgtgcttagtt 960
 acgttttct tcttacacat gaaaataaat gcataagtgt tagaagaaaa aaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

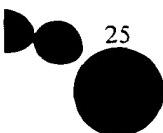
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

15

| | | | | | | |
|----------------|-------------|-------------|-------------|-------------|--------------|------|
| ccagagcagg | cctgggtgg | agcagggacg | gtgcaccgga | cggcggtatc | gagcaaatgg | 60 |
| gtctggccat | ggagcacgga | gggtcctacg | ctcgggcggg | gggcagctct | cggggctgct | 120 |
| 20 ggtattacct | gcgctacttc | ttcccttctcg | tctccctcat | ccaattcctc | atcatcctgg | 180 |
| ggctcggtct | cttcatggtc | tatggcaacg | tgcacgttag | cacagagtcc | aacctgcagg | 240 |
| ccaccgagcg | ccgagccgag | ggcctataaca | gtcagctctt | agggctcact | gcctcccagt | 300 |
| ccaacttgac | caaggagctc | aacttcacca | cccgcgccaa | ggatgccatc | atgcagatgt | 360 |
| ggctgaatgc | tcgcccgcac | ctggaccgca | tcaatgccag | cttccgcccag | tgccagggtg | 420 |
| accgggtcat | ctacacgaaac | aatcagaggt | acatggctgc | catcatcttg | agtgagaagc | 480 |
| aatgcagaga | tcaattcaag | gacatgaaca | agagctgcga | tgccttgctc | ttcatgctga | 540 |
| 25 atcagaaggt | gaagacgctg | gagggtggaga | tagccaagga | gaagaccatt | tgcactaagg | 600 |
| ataaggaaag | cgtgctgctg | aacaaacgcg | tggcggagga | acagctggtt | aatgcgtga | 660 |
| aaaccgggaa | gctgcagcac | caagagcgcc | actggccaag | gagcaactgc | aaaaggtgca | 720 |
| 30 agccctctgc | ctggccctgg | acaaggacaa | gtttgagatg | gaccttcgta | acctgtggag | 780 |
| ggactccatt | atcccacgca | gcctggacaa | cctgggttac | aacctctacc | atcccctggg | 840 |
| ctcggattt | gcctccatcc | gcagagcctg | cgaccacatg | cccagccta | tgagctccaa | 900 |
| 45 ggtggaggag | ctggccccga | gcctccgggc | ggatatcgaa | cgcgtggccc | gcgagaactc | 960 |
| agacctccaa | cgccagaagc | tgaaagccca | gcagggcctg | cgggcccagtc | aggaggcgaa | 1020 |
| acagaaggtg | gagaaggagg | ctcaggcccg | ggaggccaag | ctccaagctg | aatgctcccg | 1080 |
| 35 gcagaccctag | ctagcgctgg | aggagaaggc | ggtgctgcgg | aaggaacgag | acaacctggc | 1140 |
| caaggagctg | gaagagaaga | agagggaggc | ggagcagctc | aggatggagc | tggccatcatcg | 1200 |
| aaactcagcc | ctggacacac | gcatcaagac | caagtcgcag | ccgatgatgc | cagtgtcaag | 1260 |
| gccccatgggc | cctgtccccca | accccccagcc | catcgaccac | gctagcctgg | aggagttcaa | 1320 |
| gaggaagatc | ctggagatccc | agaggcccccc | tgcaggcattc | cctgtagccc | catccagtgg | 1380 |
| 40 ctgaggaggc | tccaggcctg | aggaccaagg | gatggcccg | ctcggcggtt | tgccggaggat | 1440 |
| gcagggatat | gctcacagcg | cccgacacaaa | ccccctcccg | ccgccccccaa | ccacccaggg | 1500 |
| ccaccatcag | acaactccct | gcatgcaaac | cccttagtacc | ctctcacacc | cgcaccccg | 1560 |
| cctcacgatc | cctcacccag | agcacacgc | cgcggagatg | acgtcacgc | agcaacgcgc | 1620 |
| ctgacgtcac | atatcaccgt | ggtgatggcg | tcacgtggcc | atgtagacgt | cacgaagaga | 1680 |
| 45 tatagcgatg | gcgtcgatc | gatgcagcac | gtcgacacaca | gacatgggaa | acttggcatg | 1740 |



acgtcacacc gagatgcagc aacgacgtca cggccatgt cgacgtaca catattaatg 1800
tcacacagac gcggcgatgg catcacacag acggtgatga tgtcacacac agacacagtg 1860
acaacacaca ccatgacaac gacacctata gatatggcac caacatcaca tgcacgcac 1920
5 cccttcaca cacacttct acccaattct caccctagtgt cacgttcccc cgaccctggc 1980
acacggggca aggtacccac aggatcccac cccctcccgac agacccctgg gccccagcac 2040
ctccctcct ccagcttcct gcctcccgac ccacttcctc acccccagtgcctggacc 2100
gaggtgagaa caggaagcca ttcacctccg ctccttgaggc gtgagtgtt ccaggacccc 2160
ctcgcccccc tgagccgggg gtgagggtca cctgttgtcg ggaggggagc cactccttct 2220
cccccaactc ccagccctgc ctgtggcccg ttgaaatgtt ggtggcactt aataaatatt 2280
10 agtaaatcct taaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 389 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

5 gccaaaaaaga tggcttcaaa agtaagaatg aaacatttga tccattcagc tttaggctat 60
 gccactggat tcatgtctag aaaagatagg ataatttctg taaagaaaatg aagaccttgc 120
 tattctaaaa tcagatcctt acagatccag atttcaggaa acaaatacat aggggactaa 180
 ctttccttgt tcagattagt ttttctcctt tgcacccagc tatataatat gaggaagtat 240
 tgactttta aaagtgttt agtttccat ttcttgata tgaaaagtaa tatttcgga 300
 gaaccctgag ctattaataa tctatgtggc tagtgcgtat atattggct gaatttggc 360
 tcctttgtg gtgtccagtg ggtaacatc

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 157 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

20 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

35

..

tgctttaaac agctgtgtca aaaactgaca tcagagagta aattgaattt ggtttttag 60
gaaggcaggaa gcaagccac tcaaacgtga aatttggcat gagggatcca gtaactttct 120
cctcaatctg tgaactatat gtgagtttga tattttg

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 561 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aatagtcaaa acataaaacaa aagctaatta actggcactg ttgtcacctg agactaagtg 60
gatgttgtg gctgacatac aggctcagcc agcagagaaa gaattctgaa ttccccttgc 120
35 tgaactgaac tattctgtta catatggtg acaaatctgt gtgttatttc ttttctacct 180

accatattta aatttatgag tatcaaccga ggacatagtc aaaccccgta tgatgaacat 240
 tcctgatttt ttgcctgatt aatctctgtt gagctctact tgtggtcatt caagatttt 300
 tgatgttcaa aggaaaagtg aatatgacct taaaaattt tattttgggt gatgatagtc 360
 5 tcaccactat aaaactgtca attattgcct aatgttaaag atatccatca ttgtgattaa 420
 ttaaacctat aatgagtatt ctaatggag aattcttaat ggatggatta tcccctgatc 480
 ttttctttaa aatttctctg cacacacagg acttctcatt ttccaataaa tgggtgtact 540
 ctgccccaat ttcttaggaaa a

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1508 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

35

cacaacacg agagactcca cggtctgcct gagcaccgcc agcctcctag gtcggcac 60

| | | | | | | | |
|----|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------------|-------------------|------|
| | tcgcagggtcc | attcttctgc | acgagcctct | ctgtccagat | ccataagcac | ggtcagctca | 120 |
| | gggtcgccga | gcagtagcag | gacaagtacc | agcagcagct | cctctgaaca | gagactgcta | 180 |
| | ggatcatcct | tctcctccgg | gcctgttgc | gatggcataaa | tccgggtgca | acccaaatct | 240 |
| 5 | gagctcaagc | caggtgagct | taagccactg | agaaggaaag | atttgggcct | gcacgcctac | 300 |
| | aggtgtgagg | actgtggcaa | gtgcaaatgt | aaggagtgc | cctacccaag | gcctctgcca | 360 |
| | tcagactgga | tctgcgacaa | gcagtgccct | tgctcgcccc | agaacgtgat | tgactatggg | 420 |
| | acttgttat | gctgtgtgaa | aggctcttc | tatcaactgtt | ctaatgatga | tgaggacaac | 480 |
| | tgtgctgaca | acccatgttc | ttgcagccag | tctcaactgtt | gtacacgtg | gtcagccatg | 540 |
| | ggtgtcatgt | ccctctttt | gccttgttta | tggtgttacc | ttccagccaa | gggttgcctt | 600 |
| 10 | <u>aaatttgtgcc</u> | <u>agggggttta</u> | <u>tgaccqqqtt</u> | <u>aacaqqqctq</u> | <u>gttggccqctq</u> | <u>taaaaactca</u> | 660 |
| | aacacagtt | gctgcaaagt | tcccactgtc | cccccttagga | acttggaaaa | accaacatag | 720 |
| | catcattaat | caggaatatt | acagtaatga | ggattttttc | tttctttttt | taatacacat | 780 |
| | atgcaaccaa | ctaaacagtt | ataatcttgg | cactgttaat | agaaaagttgg | gatagtctt | 840 |
| | gctgttgcg | gtgaaatgct | ttttgtccat | gtgccgtttt | aactgatatg | cttgttagaa | 900 |
| 15 | ctcagctaatt | ggagctcaaa | gtatgagata | cagaacttgg | tgaccatgt | attgcataag | 960 |
| | ctaaagcaac | acagacactc | ctaggcaaaag | ttttgttttgc | tgaatagttac | ttgcaaaaact | 1020 |
| | tgtaaattag | cagatgactt | tttccatttgc | ttttctccag | agagaatgtg | ctatattttt | 1080 |
| | gtatatacaa | taatatttgc | aactgtgaaa | aacaagtgg | gccatactac | atggcacaga | 1140 |
| | cacaaaatat | tatactaata | tgttgtacat | tcggaagaat | gtgaatcaat | cagtatgtt | 1200 |
| | ttagattgtt | ttttgcctta | cagaaaggcct | ttattgttaag | actctgattt | ccctttggac | 1260 |
| | ttcatgtata | ttgtacagtt | acagtaaaat | tcaaccttta | ttttctaattt | tttcaacat | 1320 |
| | attgtttagt | gtaaagaata | tttattttgaa | gttttatttt | tttataaaaaa | agaatattta | 1380 |
| | tttaaagagg | catcttacaa | attttgcccc | ttttatgagg | atgtgatagt | tgctgcaaatt | 1440 |
| 25 | gaggggttac | agatgcatat | gtccaatata | aaatagaaaa | tatattaacg | tttgaattta | 1500 |
| | aaaaaaaaaa | | | | | | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 389 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

10 gggcaggtga tcagggcaca catttcccgt ccattgagac agtagcattc ccggcaccca 60
tcgtgccagc tctcctcatt tttatgatga tgaccatcca cggtgagaca agtgccccac 120
aggatgggtg gcccagctga agcacaggcc gctctgcact tgcatataag acagccgtga 180
ctgtcctgct ggaaacccaa ggggcagatc ttactgcatg agagctctgg acatttctta 240
cagcgacaga tgtcacagcc gtgcttattc ttcatcaatc caagtggaca atacttgtca 300
cagattatgg gtctgcactt ctgggcctt gggcggact cacagatctc acagtttgg 360
acctcggccg cgaccacgct gggtaccga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 981 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

10 tttttttttt ttggattgca aaaatttatt aaaattggag acactgttt aatcttcttg 60
 tgccatgaga ctccatcagg cagtctacaa agaccactgg gaggctgagg atcacttgag 120
 cccagaagtt tgaggctgta gtaagcttca aaggccactg cactctagct tgggtgaggc 180
 aagaccctt caagcagtaa gctgcgtct tgcttgggt ggtcattaaa aacccttagtt 240
 taggataaca acatattaat cagggcaaaa tacaaatgtg tgatgcttg tagtagagta 300
 acctcagaat caaaaatggaa cggtttaca gtgatatcat tatatttcat ttggcagaat 360
 cattacatca ttggttcacac tgaaaatcat cacatgttacc aaaagctgac tcacctagtt 420
 taggataaca ggtctgcctg tttgaagatg aaaaataata cccatTTaaa atttgcctta 480
 ctcaatttcc ttctcagtca cattttact tttaaacagc taatcactcc catctacaga 540
 ttaaggtgta tatgccacca aaaccttttgc ccaccttaaa aatttccttc aaagtttaaa 600
 ctaatgcctg catttcctca atcatgaatt ctgagtcctt tgcttcttta aaacttgctc 660
 20 cacacagtgt agtcaagccg actctccata cccaaagcaag tcatccatgg ataaaaaacgt 720
 taccaggagc agaaccatta agctggtcca ggcaagttgg actccaccat ttcaacttcc 780
 agctttctgt ctaatgcctg tggccatg gcttgagttt ggcttgctct ttaggacttc 840
 agtagctatt ctcatccttc cttggggaca caactgtcca taaggtgcta tccagagcca 900
 25 cactgcacatc gcacccagca ccatacctca caggagtcga ctcccacgag ccgcctgtat 960
 ataagagttc ttttgatgac g

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 401 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

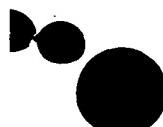
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

15 ataactacag cttcagcaga caactaaaga gactgcatta aggtgatttc tctggctata 60
 aagagagccc ggccgcagag catgtgactg ctgggacctc tggataggc aacactgcc 120
 tctctcccc agagcgaccc cccgggcagg tcggggccca aggaatgacc cagcaactgc 180
 tcccttaccca gcacactctc tttactgcca cctgcaatta tgctgtgaag atgactgggt 240
 gtggcatca cgattcagag aaatcaagat ctatgaccat tttaggcaaa gagagaaact 300
 tggagaattt ctgaggacta ctgaaccttg ttttgctttt ttaaaaaata ctaaatcctc 360
 20 acttcagcat atttagttgt cattaaaatt aagctgatat t

 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1002 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

15 gacaatataa aaagtggaaa caagcataaa ttgcagacat aaaataatct tctggtagaa 60
 acagttgtgg agaacagggtt gagtagagca acaacaacaa aagcttatgc agtcaccc 120
 tttgaaaatg ttaaatacaa gtcctattct ctttgtccag ctgggtttag ctagaggttag 180
 ccaattactt ctcttaaggt ccatggcatt cgccaggatt ctataaaagc caagtttaact 240
 gaagtaaata tctggggccc atgcaccccc cactaagtac tttgtcacca tggtgtatct 300
 taaaagtcat ttttcactgt ttgactcaga atttgggact tcagagtcaa acttcattgc 360
 20 ttactccaaa cccagttaa ttccccactt ttttaagtag gcttagctt gagtgatttt 420
 tggctataac cgaaatgtaa atccaccc 480
 tactgaaaac aatggtgcca tatgctccaa agacatttcc ccaagataac tgccaaagag 540
 ttttgagga ggacaatgt catttattt gttaggagcct tgatatctct gaaaaataga 600
 attaatacag ctcaaatgga gtagtaacca agctttctg cccaggaagt aacaaacatc 660
 25 actacgaaca tgagagtaca agaggaaact ttcataatgc attttttcat tcatacattc 720
 attcaataaa cattagccaa gctaattgtcc caagccactg tgccaggtat taacaatata 780
 acaacaataa aagacacagt ccttcctctc aagggtttca gtcttagttagg gaagatgatt 840
 attcattaaa atttttggtg catcagaatc atgaggagct tgtcaaaaat gtaaatttcct 900
 gcctatgttc tcagatattc tggtaggtc aggagtggga accccaaaatc aattcttta 960
 acaaacacta aaggtgattc taacacaggc ggtgtgagga cc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 280 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle



(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

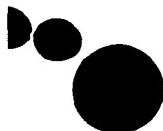
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

20

```
cgaggtgggc caccctgtc tggcttgaga tttttaatg aggattacat tatcctattt 60
ataatattcc tattctaattc tattgtattc ttacaattaa atgtatcaaa taattcttaa 120
aaacattatt agaaacaaac tgccataatac cttataagac taaaaaaaaatc accaagatga 180
aactgtatta tgactctcaa tatttaaaca tttaaaaaaaaa tgtagtgtt tgtaagcac 240
caatcttaac tatttcaccc gccccggcg  ccgctcgagg
```



(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2041 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

| | |
|----|---|
| | ccccccgcag aactcccccc tggaatagga ttttaaaac cttgacaat tagaaatcct 60 |
| | atagggtta gcattttta gtaaaaaata tggtgcccc tacagggatc atgcaacttc 120 |
| | cttaaaaacca attcagcaca tatgtataaa gaacccttt taaaacatt tgtacttgaa 180 |
| 20 | atacagacac agtgatgctg aagacactaa acaaaaactg aaaagtacta taccttgata 240 |
| | aattttgtta ttgccttctt tagagacttt ataatctcta gttgatttc aaggacttga 300 |
| | atthaataat gggtaatta cacaagacgt aaaggatttt taaaaacaa gtatTTTTT 360 |
| | ttacctctag catcaattct tttataaaaga atgctaaata aattacattt ttgttcagt 420 |
| | aaaactgaag atagaccatt taaatgcttc taccaaattt aacgcagctt aatttagggac 480 |
| 25 | caggtacata ttttcttctg aacatttttgc gtcaagcatg tctaaccata aaagcaaatg 540 |
| | gaattttaag aggtagattt ttttccatg atgcattttg ttaataatg tgtcaagaaa 600 |
| | ataaaaaacaa gcactgagtg tggctcttg aagtataagg gtctaatacgaa aaataaaaga 660 |
| | tagatatttg ttatagctg acattttaac agtcatagta ttagacgtt cgtgaccagt 720 |
| | gcattttgga ctctctcagg atccaaatac gagtctgcc actgtattaa atccctcctcc 780 |
| 30 | accccctcca ccagttggc cacagcttc tgggggtcg ttgtcatcaa atccattggg 840 |
| | ccgaaatgaa catgaaggcag atgcagctg gagggcccg gctcgagcat tcaactcttg 900 |
| | tccctgtaaa tatagtttat tgcctttgt tatagcatcc ataagttctt tctgttagagg 960 |
| | tgggtctcca ttatccaga gtccacttgt tggtttatta ccacttaac cattagtaact 1020 |
| | atgctgtttt ttataaaaaa gcacataaagc tggctcctt ggaaacctgc tcgtaatttt 1080 |
| 35 | ctggactgac tgaaatgaag taaatgtcac tctactgtca taaaataaaa accccatttt 1140 |
| | ttgacatttc cttatTTCC aaatcctgtt caaaaactgc actgggacta tctctcccta 1200 |
| | gtaaatgact ctgggaggat gctaatacgca gagcctcaga ctgggtgtac atctgatatg 1260 |
| | aagagtctgt acttgtgata ttctggcat aagaatagta atgcccactt tcagaggata 1320 |
| | taccagagtg aaccacaacg gaacttaata gatagggcac caattttgtg caggaagctt 1380 |
| 40 | catcagtccc tgaaggctt aatTTTTAG caaggttctc actaagatca gtgaagtcaa 1440 |
| | catctacaga ccaactttct gacaatgaag agaaagaagt aattcttcta actggcaact 1500 |
| | ccaaaaccag tggccagtga tacattgtct aaaatttcc ttctcacatg atacttctga 1560 |
| | tcatatgaaa atctcaggag agtaagaata aggtattcag gttccctccgt gatttgata 1620 |
| | gttttctcag cattttgcag agaggcacag ttttcacaat aatattggtt atcaccagta 1680 |
| 45 | agaatctctg gagccaaaaa aataatttag taagttagtt actgaaggtg tggttcacc 1740 |

tcccggttgc tgaggtacat ctttattaaac aagaatcttg ttagattcgt tagggacaga 1800
 agtgtttca gaacagtaaa actcattagg aggactgcct atggttttt cattcacaag 1860
 tgagtacacag atgaaggcag ctgttgggg attataaact actggctctt ctgaaggacc 1920
 gggcacacac gcttgcatta gaccaccatc ttgtatactg ggtgatgtatg ctggatctt 1980
 5 gacagacatg ttttccaaag aagaggaagc aaaaaacgca agcgaaaatg ctgtaaaggc 2040
 t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

35 cgccccgggc aggtgtcagg ggttccaaac cagcctgggg aaacacagcg tagacccttc 60
 acctctacaa ataaaaaatt aaaaaattag ccaggtgtgg cagcgaacaa ctgttagtctc 120

agatactcgagactgagc tggaaaggat cacttgagcc caagaagtgc aaggttacag 180
tggccacga tcgttcatt acactccagc ttgggtgaca aaatgagact gtcta

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2732 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

gtgtggagtt tcagctgcta ttgactataa gagctatggaa acagaaaaag ctggctggct 60
tcgttgtat aactactta tatggagctt catggacct gttaccttca ttattctgct 120
aaatattatc ttcttggta tcacattgtg caaaatggtg aagcattcaa acacttgaa 180
accagattct agcaggttgg aaaacattaa gtcttgggtg cttggcgctt tcgctttct 240
35 gtgtcttctt ggcctcacct ggtcctttgg gttgctttt attaatgagg agactattgt 300
gatggcatat ctttcacta tatttaatgc tttccaggga gtgttcattt tcattttca 360

| | | | | | | | |
|----|--------------|-------------|-------------|--------------|-------------|-------------|------|
| | ctgtgctctc | caaaagaaaag | tacgaaaaga | atatggcaag | tgcttcagac | actcatactg | 420 |
| | ctgtggaggc | ctcccaactg | agagtcccc | cagttcagt | aaggcatcaa | ccaccagaac | 480 |
| | cagtgcgc | tattcctctg | gcacacagag | tcgtataaga | agaatgtgga | atgataactgt | 540 |
| | gagaaaacaa | tcagaatctt | cttttatctc | aggtgacatc | aatagcactt | caacacttaa | 600 |
| 5 | tcaagggtggc | ataaatctt | atataatttt | acaggactga | catcacatgg | tctgagagcc | 660 |
| | catcttcaag | atttatatca | tttagaggac | attcactgaa | caatgccagg | gataacaagtg | 720 |
| | ccatggatac | tctaccgcta | aatggtaatt | ttaacaacag | ctactcgctg | cacaagggtg | 780 |
| | actataatga | cagcgtgcaa | gttggact | gtggactaag | tctgaatgtat | actgcttttg | 840 |
| | agaaaaatgt | catttcagaa | ttagtgcaca | acaacttacg | gggcagcagc | aagactcaca | 900 |
| 10 | acctcgagct | cacgctacca | gtcaaaccctg | tgattggagg | tagcagcagt | gaagatgatg | 960 |
| | ctattgtggc | agatgcttca | tctttatgc | acagcgacaa | cccagggtcg | gagctccatc | 1020 |
| | acaaaagaact | cgaggcacca | cttattcctc | agcggactca | ctcccttctg | taccaacccc | 1080 |
| | agaagaaaagt | gaagtccgag | ggaactgaca | gctatgtctc | ccaactgaca | gcagaggctg | 1140 |
| | aagatcacct | acagtcccc | aacagagact | ctctttatac | aagcatgccc | aatcttagag | 1200 |
| 15 | actctcccta | tccggagagc | agccctgaca | tggaagaaga | cctctctccc | tccaggagga | 1260 |
| | gtgagaatga | ggacatttac | tataaaagca | tgccaaatct | tggagctggc | catcagcttc | 1320 |
| | agatgtgcta | ccagatcagc | aggggcaata | gtgatggta | tataatcccc | attaacaaag | 1380 |
| | aagggtgtat | tccagaagga | gatgttagag | aaggacaaat | gcagctggtt | acaagtctt | 1440 |
| | aatcatacag | ctaaggatt | ccaaggggca | catgcgagta | ttaataaata | aagacaccat | 1500 |
| | tggcctgacg | cagctccctc | aaactctgct | tgaagagatg | actcttgacc | tgtggttctc | 1560 |
| | tgggtgtaaaa | aagatgactg | aaccttgcag | ttctgtgaat | ttttataaaa | catacaaaaa | 1620 |
| | ctttgtatat | acacagagta | tactaaagt | aattatttgt | tacaaagaaa | agagatgcca | 1680 |
| | gccaggatt | ttaagattct | gctgctgtt | agagaaattg | tgaaacaagc | aaaacaaaac | 1740 |
| | tttccagcca | ttttactgca | gcagtctgt | aactaaattt | gtaaatatgg | ctgcaccatt | 1800 |
| 25 | tttgtaggcc | tgcattgtat | tatataacaag | acgtaggctt | taaaatcctg | tgggacaat | 1860 |
| | ttactgtacc | ttactattcc | tgacaagact | tggaaaagca | ggagagatat | tctgcattcag | 1920 |
| | tttgagttc | actgcaaattc | ttttacatta | aggcaaagat | tgaaaacatg | cttaaccact | 1980 |
| | agcaatcaag | ccacaggcct | tatttcatat | gtttcctcaa | ctgtacaatg | aactattctc | 2040 |
| | atgaaaaatg | gctaaagaaa | ttatattttg | ttctattgtct | agggtaaaat | aaatacattt | 2100 |
| 30 | gtgtccaaact | gaaatataat | tgtcattaaa | ataattttaa | agagtgaaga | aaatattgtg | 2160 |
| | aaaagctctt | ggttgcacat | gttatgaaat | gtttttctt | acactttgtc | atggtaagtt | 2220 |
| | ctactcattt | tcacttctt | tccactgtat | acagtgttct | gctttgacaa | agtttagtctt | 2280 |
| | tattacttac | atttaaattt | cttattgcca | aaagaacgtg | ttttatgggg | agaaacaaaac | 2340 |
| | tcttgaagc | cagttatgtc | atgccttgca | caaaagtgtat | gaaatctaga | aaagattgtg | 2400 |
| 35 | tgtcaccctt | gtttattctt | gaacagaggg | caaagagggc | actgggcact | tctcacaac | 2460 |
| | tttctagtga | acaaaaggtg | cctattctt | tttaaaaaaaaa | taaaataaaa | cataaaatatt | 2520 |
| | actcttccat | attccttctg | cctatattta | gtaattaatt | tatttatgtat | taaagttcta | 2580 |
| | atgaaatgtat | aattgtttca | gcaaaaattct | gctttttttt | catccctttg | tgtaaacacgt | 2640 |
| | ttaataatgtat | gcccatcact | aatatccagt | gtaaagtttta | acacggtttg | acagtaaataa | 2700 |
| | aatgtgaattt | ttttcaagtt | aaaaaaaaaaa | aa | | | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 276 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

20 ctccctaaat gattttaaaa taaaattggat aaacatatga tataaagtgg gtactttaga 60
aaccgccttt gcatattttt tatgtacaaa tctttgtata caattccgat gttccttata 120
tattccctat atagcaaacc aaaaccagga cctcccaact gcatgcctca agtccctgtg 180
gagcactctg gcaactggat ggccctactt gctttctgac aaaatagctg gaaaggagga 240
gggaccaatt aaatacctcg gccgcgacca cgctgg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare

30 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

15

| | |
|----|--|
| 20 | attgtaccag ccttgatgaa cgtggccct gcttcgcctt tgagggccat aagctcattg 60 cccactggtt tagaggctac ctatcattg tctccgtga ccggaagggt tctcccaagt 120 cagagttac cagcaggat tcacagagct ccgacaagca gattctaaac atctatgacc 180 tgtgcaacaa gttcatagcc tatagcacccg tcttgagga tgttagtggat gtgcttgctg 240 agtggggctc cctgtacgtg ctgacgcggg atggcggtt ccacgcactg caggagaagg 300 acacacagac caaactggag atgctgtta agaagaacct atttgagatg gcgattaacc 360 ttgccaagag ccagcatctg gacagtgtg ggctggcca gatttcatg cagtatggag 420 accatctcta cagcaagggc aaccacgtg gggctgtcca gcaatatatc cgaaccattg 480 gaaagttgga gccatctac gtgatccgca agtttctgga tgcccagcgc attcacaacc 540 tgactgccta cctgcagacc ctgcaccgac aatccctggc caatgccgac cataccaccc 600 tgctcctcaa ctgctatacc aagctcaagg acagctcgaa gctggaggag ttcatcaaga 660 aaaagagtga gagtgaagtc cactttgtat tggagacagc catcaaggc tcctcggcagg 720 ctggctacta ctcccattgcc ctgttatctgg cggagaacca tgcacatcat gagtggtacc 780 30 tgaagatcca gctagaagac attaagaatt atcaggaagc cttcgatac atcggcaagc 840 tgcctttga gcagggcagag agcaacatga agcgctacgg caagatcctc atgcaccaca 900 taccagagca gacaactcag ttgctgaagg gactttgtac tgattatcgg cccagcctcg 960 aaggccgcag cgatagggag gccccaggct gcagggccaa ctctgaggag ttcatcccc 1020 tctttgccaa taacccgcga gagctgaaag ctttcctaga gcacatgagt gaagtgcagc 1080 35 cagactcacc ccaggggatc tacgacacac tccttgagct gcgactgcag aactgggccc 1140 acgagaagga tccacaggta aaagagaagc ttcaacgcaga ggccatttcc ctgctgaaga 1200 gtggtcgctt ctgcacgtc tttgacaagg ccctggctt gtgcagatg cacgacttcc 1260 aggatggtgt ctttacctt tatgagcagg ggaagctgtt ccagcagatc atgcactacc 1320 40 acatgcagca cgagcagtac cggcaggta tcagcgtgtg tgagcgcatt ggggagcagg 1380 acccttcctt gtgggagcag gccctcagct acttcgcctcg caaggaggag gactgcaagg 1440 agtatgtggc agctgtcctc aagcatatcg agaacaagaa cctcatgcctt cctcttctag 1500 tggtgcagac cctggccac aactccacag ccacactctc cgtcatcagg gactacctgg 1560 tccaaaaact acagaaacag agccagcaga ttgcacagga tgagctgcgg gtgcggcgg 1620 accgagagga gaccacccgt atccgcagg agatccaaga gctcaaggcc agtcctaaga 1680 45 ttttccaaaa gaccaagtgc agcatctgtt acagtgcctt ggagtgcgg tcagtccact 1740 |
|----|--|

tcctgtgtgg ccactccttc caccaacact gcttgagag ttactcgaa agtcatgctg 1800
 actgccccac ctgcctccct gaaaaccgga aggtcatgga tatgatccgg gcccaggaaac 1860
 agaaaacgaga tctccatgt caattccagc atcagctcaa gtgctccaat gacagcttt 1920
 5 ctgtgattgc tgactacttt ggcagaggtt tttcaacaa attgactctg ctgaccgacc 1980
 ctcccacagc cagactgacc tccagcctgg aggctggct gcaacgcgac ctactcatgc 2040
 actccaggag gggcacttaa gcagcctgga ggaagatgtg ggcaacagtg gaggaccaag 2100
 agaacagaca caatgggacc tgggcggggcg ttacacagaa ggctggctga catgcccagg 2160
 gctccactct catctaatgt cacagccctc acaagactaa agcggaaactt tttctttcc 2220
 ctggccttcc ttaatttaa gtcaagctt gcaatccctt cctcttaac taggcaggtt 2280
 10 ttagaatcat ttccagatta atggggggga agggaaacct caggcaaaacc tcctqaagtt 2340
 ttggaaaaaa aagctggttt c

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

5 aggtgttaga tgctcttcaa aaagaaaactg catctaagct gtcagaaatg gattctttta 60
acaatcaact aaaggaactg agagaaaacct acaacacaca gcagtttagcc cttgaacagc 120
tttataagat caacgtgaca agttgaagga aattgaaagg aaaaaattag aactaatgc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 905 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

tttttttttt ttctttaacc gtgtggtctt tatttcagtg ccagtgttac agataacaaca 60

caaatgttcc agttagaagg aattcaaacg gaatgccaag gtccaaagcca ggctcaagaa 120
 ataaaaaggg aggtttggag taatagataa gatgactcca atactcactc ttcctaaggg 180
 caaaggtact tttgatacag agtctgatct ttgaaaactgg tgaactcctc ttccacccat 240
 taccatagtt caaacaggca agttatggc tttaggagcac tttaaaattt gtggtgggaa 300
 5 tagggtcatt aataactatg aatatatctt tttagaaggtg accatTTgc actttaaagg 360
 gaatcaattt tgaaaatcat ggagactatt catgactaca gctaaagaat ggcgagaaag 420
 gggagctgga agagccttgg aagtttctat tacaataga gcaccatata cttcatgcca 480
 aatctcaaca aaagctctt ttaactccat ctgtccagtg tttacaata aactcgcaag 540
 gtctgaccag ttcttggtaa caaacataca tgtgtgtgtc tgtgtgtata cagcaatgca 600
 10 ~~cagaaaaggc taccaggagc ctaatgcctc ttccaaacat tgggggaacc agtagaaaaaa~~ 660
 ggcagggctc cctaattgtcc attattacat ttccattccg aatgccagat gttaaaagtg 720
 cctgaagatg gtaaccacgc tagtgaggaa taaatacccc accttgccca gtccacacag 780
 aaacaacagt agaaaagaagg ggcaactctt tgctgcagag acaaagtgag tgtttttcg 840
 ccatggattt cagtcctctc ctccagacca gctgcttatt tcctcagggg cccagggaaat 900
 15 gttga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 213 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

| | | | | | | | |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|--------------|--------------|------|
| 5 | ggctctttctt | tccctttttt | ttttccaaa | agtgttcttt | tatttcttagt | aacatataattt | 60 |
| | gtataaaatac | tctattttat | atgcacttcc | acaaaagcga | tataatttaa | aagttttttt | 120 |
| | cattagaaat | aaatgtataa | aaataaaatat | gttattatag | gcatttatta | ctaactataag | 180 |
| | tccttcttgg | aaggAACACC | caaaccAATA | cttataaagt | acatgtattt | tatAGTAACA | 240 |
| 10 | tatTTTACTA | tatacatATG | gaaaaAAATCA | tattctcaca | gaagAGCTGA | ACAGACATTc | 300 |
| | accaggatac | gactgttggA | ccagctgctg | gagatggacc | tgctaccCCT | cagcAGCCTC | 360 |
| | cccaccacAA | gacaAGTgat | ctcaatgtCC | ccaaacCtGT | gggaccCtGT | tctacacACC | 420 |
| | tcatttttgt | tccggcgTTT | catcctcCtt | gtgtgattgt | actgattttc | atgAGACACA | 480 |
| 15 | agttacttct | ttacatCCAT | attccAAAG | cagggttaca | tggtaggAAA | gaaAGGAAGT | 540 |
| | tggaggtact | aagctcATTG | tgtctcCTCT | agcttttacc | agcatctaAt | gcttcactGC | 600 |
| | ttttttcca | ttgtagactt | taatgcactt | gaataaatac | atggagttgt | ttttcctca | 660 |
| | aaatgaatta | cacAAATAAA | gactgagatG | gtccaaaaAA | gaaaAGAGGA | agccatttgc | 720 |
| | gttatttcac | gttgctgAGC | ctttctctca | tgttgaacAA | tctgaagttt | taattctcgg | 780 |
| | tagAAATAAT | gtataaacat | tctctgAAAC | catagcAGCC | ataaacAGTg | ctgtcaaAG | 840 |
| 20 | atccttatttG | tactccttTC | tccccccatt | gttagtgagg | taaaAGTAaaa | caggtcttag | 900 |
| | taaaatctca | cttttctcct | acttttcatt | tcccaaaaaC | catgatacta | agtatttgat | 960 |
| | aagtaccagg | aaacAGGGGT | tgtaatAGTT | ctaactttt | ttgacaatttG | cttGTTTTT | 1020 |
| | tctaaacttG | taatAGATGT | aacAAAGAA | ataataataa | taatGCCCGG | ggctttattA | 1080 |
| | tgctatATCA | ctgctcAGAG | gttaataatC | ctcaactaact | atccttatCAA | atttgcaact | 1140 |
| | ggcagtttac | tctgatgatt | caactcCttt | tctatctacc | cccatataatCC | cacCttactG | 1200 |
| 25 | atacacctca | ctggttactG | gcaAGATAcG | ctggatccct | ccagcCtttCt | tgctttccct | 1260 |
| | gcaccagccc | ttcctcactt | tgccttGCC | tcaaagctaa | caccacttAA | accacttaAC | 1320 |
| | tgcattctGc | cattgtgcaa | aagtctatGA | aatgtttagg | tttctttaaa | ggatCACAGC | 1380 |
| | tctcatgaga | taacACCCCT | ccatcatGGG | acagacactt | caagcttCtt | ttttgtAAC | 1440 |
| 30 | ccttcccaca | ggtcttagaa | catgatgacc | actccccCAG | ctgccactGG | gggcaggGAT | 1500 |
| | ggtctgcaca | aggctctggG | ctggctggct | tcacttCtt | tgcacactCG | gaagcaggct | 1560 |
| | gtccatttaat | gtctcgGCat | tctaccAGTC | ttctctGCCA | acccaaTTCA | catgacttag | 1620 |
| | aacattcGCC | ccactcttca | atgACCCatG | ctgaaaaAGT | ggggatAGCA | ttgaaAGATT | 1680 |
| | ccttcttCtt | ctttacgaaG | taggtgtatt | taattttagg | tgcAAGGGCA | ttgcccACAG | 1740 |
| 35 | taagaacctG | gatggtcaAG | ggcttTTGA | gagggctaaa | gctgcgaatt | cttccaAtG | 1800 |
| | ccgcagAGGA | gccgctgtac | ctcaagacAA | caccttTGta | cataatgttC | tgctctAAAG | 1860 |
| | tggacAAAGT | gtagtccacCA | ttaAGAAATAT | atgtgcCATC | agcagCTTtG | atggcaAGAA | 1920 |
| | agctGCCATT | gttcctggat | ccccctCTGgt | tccgctgttt | cacttcgatG | ttggTggCTC | 1980 |
| | cagttggAAAT | tgtgtatgata | tcatgatATC | caggTTTGC | actagtaact | gatccTgata | 2040 |
| 40 | tttttttaca | agttagatCCA | tttccccCGC | aaacaccACa | tttatcaaAC | ttctttttgg | 2100 |
| | agtctatGAT | gcgatcacAA | ccagtttta | caca | | | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK

- (A) LÄNGE: 1626 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN: Endothelzelle

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25

ggacaatttc tagaatctat agtagtatca ggatatattt tgctttaaaa tatattttgg 60
ttattttgaa tacagacatt ggctccaaat tttcatctt gcacaatagt atgactttc 120
actagaacctt ctcaacattt gggactttg caaatatgag catcatatgt gttaaggctg 180
tatcatttaa tgctatgaga tacattgtt tctccatgt ccaaacaggt gaacaaacgt 240
agttgtttt tactgatact aaatgttggc tacctgtat tttatagtt gcacatgtca 300
gaaaaaggca agacaaatgg cctcttgac tgaatacttc ggcaactta ttgggtcttc 360
atttctgac agacaggatt tgactcaata ttttagagc ttgcgttagaa tggattacat 420
ggtagtgatg cactggtaga aatggttttt agttattgac tcagaattca tctcaggatg 480
aatctttat gtcttttat tctaagcata tctgaattta ctttataaag atggtttttag 540
25 aaagctttgt ctaaaaattt ggccttagaa tggtaacttc atttcagtt gccaagggg 600
agaaaaataa tatgtgtgtt gttatgttt tggtaacata ttatttagta ctatctatga 660
atgtatttaa atattttca tattctgtga caagcattt taatttgc当地 caagtggagt 720
ccatttagcc cagtggaaa gtcttggAAC tcaggttacc cttgaaggat atgctggcag 780
ccatctctt gatctgtgct taaactgtaa tttatagacc agctaaatcc ctaacttgaa 840
30 tctggaatgc attagttatg cttgttacca ttcccagaat ttcagggca tcgtgggtt 900
ggtctagtga ttgaaaacac aagaacagag agatccagct gaaaaagagt gatcctcaat 960
atcctaacta actggtcctc aactcaagca gagtttctt actctggcac tgtgatcatg 1020
aaacttagta gaggggattt tggatattt atacaaattt aatacaatgt cttacatgt 1080
taaaattctt aaagagcaaa actgcatttt atttctgtat ccacattcca atcatattag 1140
40 aactaagata ttatctatg aagatataaa tggatcgatg agactttcat ctgtggattt 1200
cgttgtttct tagggttcct agcaactgtat cctgcacaag catgtatgtat gtgaaataaa 1260
atggattctt ctatagctaa atgagttccc tctggggaga gttctggatc tgcaatcaca 1320

atgccagatg gtgttatgg gctattgtg taagtaagtg gtaagatgct atgaagtaag 1380
 tggtttgg ttcatcttat gaaaactctt gatgcatttg cttttgtatg gaataaattt 1440
 tggtcaata tgatgtcatt caacttgca ttgaattgaa ttttgggtgt atttatatgt 1500
 attatacctg tcacgcttct agttgcttca accatttat aaccatttt gtacatattt 1560
 tactgaaaa tattttaaat gaaaatttaa ataaacattt gatagttac ataataaaaa 1620
 aaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1420 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

35 gttcagcatt gtttctgctt ctgaaatctg tatagtacac tggtttgtaa tcattatgtc 60
 ttcatggaaa tccttgctac ttctttcct cctcaatgaa agacacgaga gacaagagcg 120

acacaagctt aagaaaaaacg agcaaggaag agtatcttca ttatttctcat tttctctgag 180
 ttggaaacaa aaacatgaag gactccaact agaagacaga tatttacatt taaatagatt 240
 agtggaaaaa cttaaagagt ttccacatat tagtttcat ttttgagtc aagagactgc 300
 tccttgtact gggagacact agtagtatat gttttaatg ttactttaaa attatcttt 360
 5 tattttataa ggcccataaa tactggttaa actctgttaa aagtgggcct tctatctgg 420
 atggttcac tgccatcagc catgctgata tatttagaaat ggcatcccta tctacttact 480
 ttaatgctta aaattataca taaaatgctt tatttagaaa acctacatga tacagtggtg 540
 tcagccttgc catgtatcag tttcaacttga aatttgagac caattaaatt tcaactgttt 600
 10 agggtggaga aagaggtaact gaaaaacatg cagatgagga tatctttat gtgcaacagt 660
 atcccttgca ~~tgggaggaga~~ ~~gttactctg~~ ~~aaaggeagge~~ ~~agettaagtg~~ ~~gaeaatgtt~~ 720
 tgtatatagt tgagaatttt acgacacttt taaaaattgt gtaattgtta aatgtccagt 780
 tttgctctgt tttgcctgaa gtttttagtat ttgttttcta ggtggacctc taaaaaccua 840
 accagtacct gggggaggtta gatgtgtgtt tcaggcctgg agtgtatgag tggtttgct 900
 tgtatttcc tccagagatt ttgaacttta ataattgcgt gtgtgtttt ttttttttaa 960
 15 gtggctttgt tttttttctt caagtaaaat tggtaacata tttccctttat aggggcaggg 1020
 catgagttag ggagactgaa gaggatttta gactgtacat gtgccttctt aatgtgttc 1080
 tcgacacatt ttttttcagt aacttgaaaa ttcaaaaggg acatttggtt aggttactgt 1140
 acatcaatct atgcataaaat ggcagcttg tttcttgagc cactgtctaa atttgtttt 1200
 tataaaaaatt ttttataactg attggttcat agatggtcag ttttgacac agactgaaca 1260
 atacagcact ttgccaaaaaa tgagtgttagc attgtttaaa cattgtgtgt taacacctgt 1320
 tcttgtaat tgggttgtgg tgcattttgc actacctgga gttacagtt tcaatctgtc 1380
 agtaaataaa gtgccttta acttcaaaaa aaaaaaaaaaa

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

~~(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:~~

aaacaaaaca aaaaaaaagtt agtactgtat atgtaaatac tagctttca atgtgctata 60
 10 caaacaatta tagcacatcc ttcctttac tctgtctcac ctcctttagg tgagtacttc 120
 cttaaaataag tgctaaaacat acatataacgg aacctgaaag ctttggttag cttgcctta 180
 ggtaatcagc ctagttaca ctgtttccag ggagttagtt aattactata aaccattagc 240
 cacttgtctc tgccccattt atcacaccag gacagggtct ctcacacctgg gcgctactgt 300
 catttgggc caggtgattc ttccttgcaa gggctgtcct gtacctgccc gggcgccccgc 360
 tcgaagcgtg gtcgcggccg aggtactgaa aggaccaagg agctctggct gccctcagga 420
 attccaaatg accgaaggaa caaagctta gggctctggg tgggtctcc cactattcag 480
 gaggtggctg gaggttaacgc agcttcattt cgtccagtc tttccagtt taaaagttgt 540
 tgtcaagatg ctgcattaaa tcaggcaggt ctacaaaggc atcccaagca tcaaacatgt 600
 20 ctgtgatgaa gtaatcaatg aaacaccgga acctccgacc acctcctgaa tagtgggaga 660
 cacacccaga gcctgaagtt tgcccttcg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

10

```
tcccagcggc atgaagtttg agattggcca ggcctgtac ctgggcttca ttccttcgt 60
ccctctcgct cattggggc accctgttt gcctgtcctg ccaggacgag gcaccctaca 120
agccctaacc caggccccgc ccagggccac cacgaccact gcaaacacccg cacctgccta 180
ccagccacca gctgcctaca aagacaatcg ggccccctca gtgacctcg ccaccacagc 240
15 gggtacaggc tgaacgacta cgtgtgagtc cccacagcct gcttctcccc tgggctgctg 300
tgggctggtt cccggccggga ctgtcaatgg aggcaagggt tccagcacaa agtttacttc 360
tgggcaattt ttgtatccaa gaaaataatg tgaatgcgag gaaatgtctt tagagcacag 420
ggacagaggg gaaaataaga ggaggagaaa gctctctata ccaaagactg a
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 929 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

30

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

10

15

20

25

| | | | | | | |
|--------------|-------------|-------------|------------|------------|------------|-----|
| ggtaactca | gtgcattggg | ccaatggttc | gacacaggct | ctgccagcca | caaccatcct | 60 |
| gctgcttctg | acgggttggc | tgtgggtggg | ctttcccctc | actgtcattg | gaggcatctt | 120 |
| tggaaagaac | aacgccagcc | ccttgatgc | accctgtcgc | accaagaaca | tcgccccgga | 180 |
| gattccaccc | cagcccttgt | acaagtctac | tgtcatccac | atgactgtt | gaggcttctt | 240 |
| gcctttcagt | gccatctctg | tggagctgta | ctacatctt | gccacagtat | ggggtcggga | 300 |
| gcagtagacact | ttgtacggca | tccttttctt | tgtttcgcc | atcctgctga | gtgtggggc | 360 |
| ttgcattctcc | attgcactca | cctacttcca | gttgtctggg | gaggattacc | gctgggtgt | 420 |
| gcgatctgt | ctgagtggt | gctccaccgg | cctttcatac | ttcctctact | cagtttcta | 480 |
| ttatgcccgg | cgctccaaca | tgtctggggc | agtacagaca | gtagagttct | tcggctactc | 540 |
| cttactca | ggttatgtct | tcttcctcat | gctgggcacc | atctcccttt | tttctccct | 600 |
| aaagttcata | cggtatatact | atgttaacct | caagatggac | tgagttctgt | atggcagaac | 660 |
| tattgctgtt | ctctcccttt | cttcatgcc | tgttgaactc | tcctaccagc | ttctcttctg | 720 |
| attgactgaa | ttgtgtgtat | gcattgttgc | cttccctttt | tccctttggg | cattccttcc | 780 |
| ccagagaggg | cctggaaatt | ataaaatctct | atcacataag | gattatatat | ttgaactttt | 840 |
| taagttgcct | ttagtttgg | tcctgatttt | tcttttaca | attaccaaaa | aaaaatttat | 900 |
| taaaaaaaaaa | aaaaaaaaaa | aaaaaaaaaa | | | | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

15

```

gaacgtgatg ggaactttgg gaggatgtct gagaaaaatgt ccgaagggat tttggccaac 60
accagaaaaac gccaaatgtcc taggaattcc ctcccaaaaat gtttcccaa aaattactca 120
ttgacaattc aaattgcact tggctggcgg cagcccggc ggccttcagt ccgtgtgggg 180
cgccccgtg gccttctcct cgttaggactc cccaaactcg ttcactctgc gtttatccac 240
aggataaagc caccgctggt acaggttagac cagaaacacc acgtcgccc ggaagcaggc 300
cagccggta gacgtgggca tggtgatgat gaaggcaaag acgtcatcaa tgaaggtgtt 360
gaaaggcttg taggtgaagg ccttccaggg cagatgtgcc actgacttca acttgttagtt 420
cacaagagc tggggcagca tgaagaggaa accaaaggca tagacccgt tgacgaagct 480
gttgatttaac caggagtacc agctcttata tttgatattc aggagtgaat agacagcacc 540
25 cccgacacag agagggtaca gcaggtatga caagtacttc atggcctgag tatcgtaatc 600
ctcggttttc ctctcagatt cgctgttaatg gccaaactga aattcggca tcaggcctct 660
ccaaaaaaata gtcatcttca atgccttctt cacttccac agctcaatgg cggctccaac 720
acccggccggg accagcacca gcaggctcgt ctgctgtcc agcaggaaca gaaagatgac 780
cacggtgctg aagcagcgcc agagcactgc cttgggtggac atgcccgtca tgctcttctt 840
30 cttcttccag aaactgtatgt cattttaaa ggccaggaaa tcaaagagaa gatggaacgc 900
tgcgacaaag aaggtcagcg ccaggaagta taagttggta tctacaaaaa ttcccttcac 960
ctcatcagca tctttctctg aaaacccgaa ctgctgcagg gagtacacgg cgtcctgcat 1020
gtggatccag aagcgcagcc gccccagtga gacctgtcg taggacacgg tgaggggcag 1080
ctcggtggtg gagcggttta tgaccatcag gtccttcacg cggttgcgtga gctggtcgt 1140
35 gaacaggatg ggcaggtaat gcacggttt cccagctgg atcatttca tgtaccatg 1200
cacatcgca ggcaggagg acccgtaaa gacaaagtt tccgcacatca cgttcagcgc 1260
cagccgcgtt cgccagtggg acactggctc atccaggggca ctcgtcggt tcttctccgc 1320
ctcgatctgc tgtgtatcag actccccgtt gagcagggtt atttcttctg gcttggggac 1380
catgttaggtg gtcagaggac tgaccaggtt cacctgttc cctgtgtgcc acggcaggac 1440
40 cccagctga tggaggaaga ttaggcata cagcgtccca ttgttctcg ttttcttgg 1500
tacagaaaaca ttaactgtcc ttcaattt ggactccaca tcaaagtctt ccacattcaa 1560
gaccaggtcg atgttgttct cagcacccag gtgggacctc gtcgtgtgt acacgctcag 1620
ctgcagcttgc ggccgcccgcg ccaggttaggg ctggatgcag ttggcgtcgc cggagcacgg 1680
gcgggtgttag acgatgcccgt acatgaccca gcaggtgtgc accacgtaga ccacgaacac 1740
45 gcccaccacc aagctggta aggagctcgccccc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1546 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

aaaataagta ggaatgggca gtgggtattc acattcacta cacctttcc atttgctaat 60
30 aaggcccctgc caggctgggaa gggattgtc cctgcctgct tctggagaaa gaagatattg 120
acaccatcta cgggcaccat ggaactgctt caagtgacca ttcttttct tctgccctgt 180
atttgcagca gtaacagcac aggtgttta gagggcagcta ataattcact tgttgttact 240
acaacaaaac catctataac aacaccaaac acagaatcat tacagaaaaa tgttgtcaca 300
ccaacaactg gaacaactcc taaaggaaca atcacaatg aattacttaa aatgtctcg 360
35 atgtcaacag ctactttttt aacaagtaaa gatgaaggat tgaaagccac aaccactgtat 420
gtcaggaaga atgactccat catttcaaac gtaacagtaa caagtgttac acttccaaat 480
gctgtttcaa cattacaaag ttccaaaccc aagactgaaa ctcagagttc aattaaaaca 540

acagaaaatac caggtagtgt tctacaacca gatgcacac cttctaaaac tggcacatta 600
 acctcaatac cagttacaat tccagaaaaac acctcacagt ctcaagtaat aggcaactgag 660
 ggtggaaaaaa atgcaaggcac ttcagcaacc agccggctt attccagttat tattttgccg 720
 5 atgtgctgga aggcagatcc gggcacacca gaaaatggaa atgatcaacc tcagtcgtat 840
 aaagagagcg tgaagcttct taccgttaag acaatttctc atgagtcgttg tgagcactct 900
 gcacaaggaa aaaccaagaa ctgacagctt gagaattctt ctccacacctt aggcaataat 960
 tacgcttaat cttcagcttc tatgcacccaa gcgtggaaaa ggagaaagtc ctgcagaatc 1020
 aatcccgact tccatacctg ctgctggact gtaccagacg tctgtcccag taaagtgtat 1080
 10 tccagctgac atgcaataat ttgatggaaat caaaaagaac cccggggctc tctgttete 1140
 tcacatttaa aaattccatt actccattta caggagcggtt ccttagaaaa ggaatttttag 1200
 gaggagaatt tgtgagcagt gaatctgaca gccaggagg tggcgtcgct gataggcatg 1260
 acttcctta atgtttaaag tttccgggc caagaatttt tatccatgaa gactttccta 1320
 ctttctcggtt gttcttata ttacctactg ttagtattta ttgtttacca ctatgttaat 1380
 15 gcagggaaaa gttgcacgtg tattattaaa tatttagtag aaatcataacc atgctacttt 1440
 gtacatataa gtattttattt cctgctttcg tttttttttt aataaataac tactgtactc 1500
 aatactctaa aaatactata acatgactgt gaaaatggca aaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5

```

eacttgggea cccccatttt etaaaaaaaaat ggaaatetgg agggcaaaaa aggttgtctg 60
aagggaagtg cctctgatgg cccaaaaacc ttcttc当地 ctatgttagg aatggaatgg 120
atagcaaatg gatcctttt ggccctc当地 ggagcatgcc ttccctatct tattctggc 180
cccactaaag cagaacgtta cgatatttc tgttttgcc attggatgcc tatctggca 240
10 aacaggcctt ccctaattgg aaaatgcagt cctgttaaa accttgatt tacgactact 300
tgtacatgct tgctcattac aattttgaca tttttacat agtgaagacc ccaaacatat 360
cagtgaaaca tgacaagatc ataaagaaca gtatcatatt attatttagt cgctttaca 420
gtggcaagcc aattttggaaa tatctcatt aaaactcaga cccaattcac tgagttatac 480
tttaatagc ttcctcagca cactattcc catgcattaa atatgataaa ataatctatc 540
actgcccatac ggtttgtaa aaaggaagtc tgaatacaga gcccacaca ctaaaattgt 600
ttttctagct acaaagtata gcatcatcaa cacagacacg atttggactc cctgacaggt 660
ggatttggaaa acgggtttt aagagaagag aacattttaa cataaatgtc attaagaatc 720
ccaaaggcct tatttgcac caccgtcccg

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1620 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

30 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

~~(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:~~

| | |
|----|---|
| 10 | gcaattcccc cctcccacta aacgactccc agtaattatg tttacaaccc attggatgca 60 |
| | gtgcagccat tcataagaac ctggtgccc cagaaaaatc tgtcctttt ggtaccaaac 120 |
| | ctgaggcttt ttggaagata atgttagaaaa ccactaccta ttgaaggcct gtttggcta 180 |
| | atctgtcaa actctgatga tacctgcctt atgtggattc tttcccacac tgcttcatt 240 |
| | tttaagtata aagacttaga aaactagaat aatgctttt caaataatta aaagtatgtg 300 |
| | atgttctggg tttttcctt ctttttagaa cccgcctcc attaaaaaaaaa ttaaaaaaaaaa 360 |
| | aaaaaaaaact tttaacattt aaaaaataaa aattaacaaa atticactta ttccaggaca 420 |
| | cgttggcatt tggactcaat gaaaaggcca cctaaagaaa ataaggctga ctgaatgtt 480 |
| | tccataattt tcacacaata acagtcctt tctatccagc ttgccttcca tttatctcta 540 |
| | gggttagctt ttcaggcaac atccttggtc attgcccaga aagtacctga gctatcagtg 600 |
| | attggaatgg cacagggaaac cgaatcacat gggtgccctc cccttggtt tcaagtatct 660 |
| 20 | tggagttgtc cacaaaaatt aggtcatgcc ttcagtgtct tggtctttaa acctaccctt 720 |
| | tgacaatcag gtgctaatga ttgtatacta ttaaaaaccag cacataagta ttgtaaatgt 780 |
| | gtgttccctcc taggttgaa gaaatgtctt tccttctatc tgggtcctgt taaagcggtt 840 |
| | gtcagttgtg tcttttacc tcgatttgc aattaataga attggggga gagggaaatga 900 |
| | tgtatgtcaat taagtttcag gtttggcatg atcatcattc tcgatgatat tctcacttg 960 |
| 25 | tcgcaaatct gcccttatcg taagaacaag tttcagaatt ttccctccac tatacgactc 1020 |
| | cagtattatg ttacaatcc attggatgag tgcaacatc taagacctt gtgcggagaa 1080 |
| | aaatctgtcc tttttggtaa caaacctgag gtcttttggaa agataatgt aaaaaccact 1140 |
| | acctattgaa ggcctgttt ggctaattcg tgcaaactct gatgataacct gcttatgtgg 1200 |
| | attctttcc acactgcctt cattttaaag tataaagact tagaaaaacta gaataatgct 1260 |
| 30 | tttacaaata attaaaagta tttgtatgttc tgggtttttt cttttttt agaaccctgt 1320 |
| | atttaaacaa gccttcttt taagtcttgt ttgaaattta agtctcagat cttctggata 1380 |
| | ccaaatcaaa aacccaacgc gtaaaacagg gcagtattt tgttcctaattt tttaaaaagc 1440 |
| | tttatgtata ctctataaat atagatgcattt aaacaacact tcccttgag tagcacatca 1500 |
| | acatacagca ttgtacattt caatgaaaat gtgtactta agggattat atatataaat 1560 |
| 35 | acatatatac ctttgtaacc ttatactgt aaataaaaaa gttgctttag tcaaaaaaaaaa 1620 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2968 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

| | |
|----|---|
| 20 | gaaaaagtag aaggaaacac agttcatata gaagtaaaag aaaaccctga agaggaggag 60 |
| | gaggaggaag aagaggaaga agaagatgaa gaaagtgaag aggaggagga agaggaggga 120 |
| | gaaagtgaag gcagtgaagg tgatgagggaa gatgaaaagg tgtcagatga gaaggattca 180 |
| | gggaagacat tagataaaaaa gccaaagtaaa gaaatgagct cagattctga atatgactct 240 |
| | gatgtatgtc ggactaaaga agaaagggtt tatgacaaag caaaacggag gattgagaaa 300 |
| | cggcgacttg aacatagtaa aaatgtaaac accgaaaagc taagagcccc tattatctgc 360 |
| | gtacttgggc atgtggacac agggaaagaca aaaattctag ataagctccg tcacacacat 420 |
| | gtacaagatg gtgaagcagg tggtatcaca caacaaattt gggccaccaa tggccctt 480 |
| | gaagctatta atgaacacac taagatgatt aaaaattttt atagagagaa tttttttttt 540 |
| | ccaggaatgc taattattga tactcctggg catgaatctt tcagtaatct gaaaaataga 600 |
| 30 | ggaagctctc tttgtgacat tgccattttt gtttgtata ttatgcattttt tttttttttt 660 |
| | cagacaattt agtctatcaa ccttctcaaa tctaaaaat gtcccttcat tttttttttt 720 |
| | aataagattt ataggttata tgattggaaa aagagtctt actctgtatgt ggctgtact 780 |
| | ttaaaaagac agaaaaaaagaa tacaaaagat gaatttgagg agcgagcaaa ggctattatt 840 |
| | gtagaatttt cacagcaggg ttgtaatgtt gctttttttt atgagaataa agatccccgc 900 |
| 35 | acttttgtt ctttggtacc tacctctgca catactgggtt atggcatggg aagtctgtatgt 960 |
| | taccttcttg tagagttaac tcagaccatg ttgagcaaga gacttgcaca ctgtgaagag 1020 |
| | ctgagagcac aggtgtatgg gtttaaagct ctcccggggta tggccaccat tatagatgtc 1080 |
| | atcttgcattt atgggcgttt gaaggaagga gatacaatca ttgttccctgg agttagaagg 1140 |
| | cccatgttaa ctcagattcg aggccctccgtt tacctccctc ctatgaagga attacgagt 1200 |
| 40 | aagaaccagt atgaaaagca taaaagaagta gaagcagctc aggggttaaa gattcttgg 1260 |
| | aaagacacctgg agaaaaacatt ggctggttt cccctccctt gggcttataa agaagatgaa 1320 |
| | atccctgttc ttaaaatgttattt attgatccat gagttaaagc agacactaaa tgcttatcaaa 1380 |
| | ttagaagaaa aaggagtcta tgtccaggca tctacactgg gttctttggaa agctctactg 1440 |

| | | |
|----|---|------|
| | gaatttctga aaacatcaga agtgcctat gcaggaatta acattggccc agtgcataaa | 1500 |
| | aaagatgtta tgaaggcttc agtgatgtt gAACATGACC CTCAGTATGC AGTAATTGG | 1560 |
| | gccttcgatg tgagaattga acgagatgca caagaaatgg ctgatagttt aggagttaga | 1620 |
| 5 | attttagtg cagaaaattat ttatcattha tttgatgcct ttacaaaata tagacaagac | 1680 |
| | tacaagaaac agaaaacaaga agaatttaag cacatgcag tattccctg caagataaaa | 1740 |
| | atcctccctc agtacattt taattctcgat gatccgatag tgatgggggt gacggggaa | 1800 |
| | gcaggtcagg tgaaacaggg gacacccatg tgggtcccaa gcaaaaattt tggacatc | 1860 |
| | ggaatagtaa caagtattga aataaaaccat aaacaagtgg atgttgc当地 1920 | |
| 10 | gaagtttgtg taaaaataga acctatccct ggtgagtcac ccaaaatgtt tggagacat | 1980 |
| | <u>tttgaagcta cagatattct tgtagtaag atcagccggc agtccattga tgcactcaaa</u> | 2040 |
| | gactgggtca gagatgaaat gcagaagagt gactggcagc ttatgtgga gctgaagaaa | 2100 |
| | gtatttgaaa tcatctaatt tttcacatg gaggcagaa tggagtaat gcaatactgt | 2160 |
| | gttgtatat cccaaacaaa atcagacaaa aaatggaca gacgtatttg gacactgatg | 2220 |
| 15 | gacttaagta tggaaaggaag aaaaataggt gtataaaatg tttccatga gaaacccaaga | 2280 |
| | aacttacact ggtttgacag tggtcagtt catgtccccca cagttccat gtgcctgttc | 2340 |
| | actcacctct cccttccccca acccttctct acttggctgc tggtttaaag tttcccttc | 2400 |
| | cccaaatttg gattttattt acagatctaa agctcttcg attttataact gattaaatca | 2460 |
| | gtactgcagt atttgattaa aaaaaaaaaa gcagattttg tgattcttg gactttttg | 2520 |
| | acgtaagaaa tacttctta tttatgcata ttcttccac agtgattttt ccagcattct | 2580 |
| | tctgccatat gcctttaggg cttttataaa atagaaaattt aggcatctg atattttttt | 2640 |
| | agctgcttg tggaaacca tgggttaaaa gcacagctgg ctgctttta ctgcttgtgt | 2700 |
| | agtcacgagt ccattgtaat catcacaatt ctaaaccaaa ctaccaataa agaaaacaga | 2760 |
| | catccaccag taagcaagct ctgttaggct tccatggta gtggtagctt ctctccacaca | 2820 |
| 25 | agttgtcctc ctaggacaag gaattatctt aacaaactaa actatccatc acactacctt | 2880 |
| | ggtatgccag cacctggta acagtaggag attttataca ttaatctgat ctgttaatc | 2940 |
| | tgatcggtt agtagagatt ttatacat | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

10

```

aaatttaaag accctccccc gaatcaatac tttcctggat ttgggttaact gcgtcatgta 60
ttaagggag gcaccgaaag ccatcatgac tgggtgtgct ttgaaacaca ctatgttgc 120
tagtgctgg ccaacagcat cttctttgct gacctatatg ttcattttc cagatcaacc 180
tttcggcct tccttgc(cc) gcaataacag cgtaccta(t) tactgcaaaa atgatgaagg 240
15 g(g)atataattc ctggcagctg agccctggaa ccctgacg(t) tgtaccagct gcatctgcat 300
tgatagcgta attagctgtt tctctgagtc ctgcccttct gtatcctgtg aaagacctgt 360
ctttagaaaa ggccagtg(t) gtccctactg cataaaagac acaattccaa agaagg(t)gt 420
gtgcacttc agtggaaagg cctatgccga cgaggagcgg tgggaccttgc acagctgcac 480
ccactgctac tgcctgcagg gccagaccct ctgctcgacc gtcagctgcc cccctctgccc 540
20 ctgtgtttag cccatcaacg tggaaaggaag ttgctgccc aatgttccag aatgttatgt 600
cccagaacca accaatatac ccattgagaa gacaaaccat cgaggagagg ttgacctgga 660
ggttccctg tggcccacgc ctatgaaaa tgatatcg(t) acatctccct agagatatgg 720
gtcacctgccc aggtagatta cagagataac aggctgcacc caagtgaaga ttcttcactg 780
gactccatttgc cctcagttgt gttccata attatatgcc tcttattat aatagcattc 840
25 ctattcatca atcagaagaa acagtggata ccactgctt gctggatcg aacaccaac

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 716 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN: Endothelzelle
-

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

| | |
|----|---|
| 15 | gcagtacctg gagtgtcctg cagggggaaa gcgaaccggg ccctgaagtc cggggcagtc 60 acccggggct cctggggcgc tctgccggc tggggcttag cagcgatcct gctttgtccc 120 agaagtccag agggatcagc cccagaacac accctcctcc ccgggacgccc gcagcttct 180 ggaggcttag gaggcatga agagtggct ccacctgctg gccgacttag aaaagaattt 240 ccagaactcg gtcctatttt acagatttag aaactatggt tcaagaagag aggacggggc 300 |
| 20 | ttgagggaat ctcctgattc tccttatatg acctcaaact gaccatacta aacagtgttag 360 aaggctttt taaggctcta aatgtcaggg tctccatcc cctgatgcct gacttgtaca 420 gtcagtgtgg agtagacggt ttccctccacc cagggttgac tcagggggat gatctgggtc 480 ccattctggt cttaagaccc caaaacaaggg tttttcagc tccaggatct ggagcctcta 540 |
| 25 | tctggtagt gtcgtaacct ctgtgtgcct cccgttaccc catctgtcca gtgagctcag 600 ccccatcca cctaacaggg tggccacagg gattacttag ggttaagacc ttagaactgg 660 gtcttagcacc cgataagagc tcaataaatg ttgttcctt ccacatcaaa aaaaaaa |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 395 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

ccaataacttc attcttcatt ggtggagaag atttagact tctaaggcatt ttccaaataa 60
aaaagctatg atttgatttc caactttaa acattgcatt tccttgcca tttactacat 120
tctccaaaaa aaccttgaaa tgaagaaggc cacccttaaa atacttcaga ggctgaaaat 180
20 atgattatta cattggaatc cttagccta tgttatattt cttaacttt gcactttcac 240
gcccagtaaa accaaagtca ggtaaccaa tgtcattta caaatgtta aaaccctaat 300
tgcatgttcct ttttaaattt atttaaaga ttacttaaca acattagaca gtgcaaaaaa 360
agaagcaagg aaagcattct taattctacc atcct

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 134 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

35 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

15

ccctcgagcg gcccgggg caggtacttt taccaccgaa ttgttcactt gactttaaga 60
aaccataaa gctgcctggc tttcagcaac aggcttatca acaccatggt gagtctccat 120
aaggcacacc gtgt

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25
- (A) LÄNGE: 644 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

15 aagcctgttg tcatggggga ggtgggtggcg ctgggtggcc actggcggcc gaggttagagg 60
 cagtggcgct tgagttggtc gggggcagcg gcagattga ggcttaagca acttcttccg 120
 gggaaagagtg ccagtgcagc cactgttaca attcaagatc ttgatctata tccatagatt 180
 ggaatattgg tgggccagca atcctcagac gcctcactta ggacaaatga ggaaactgag 240
 gcttggtgaa gttacgaaaac ttgtccaaaa tcacacaaact tgtaaaggc acagccaaga 300
 20 ttcagagcca ggctgtaaaaa attaaaatga acaaattacg gcaaagtttt aggagaaaaga 360
 aggatgttta tgccatcgag gccagtcgtc cacatcgtg gcagacagat gaagaaggcg 420
 ttcgcaccgg aaaatgttagc ttcccggta agtacccgtt ccatgttagaa gttgatgaat 480
 caagaggaat gcacatctgt gaagatgctg taaaaagatt gaaagctgaa aggaagtct 540
 tcaaaggctt ctttggaaaa actggaaaaga aagcagttaa agcagttct gtgggtctaa 600
 25 gcagatggac tcagaggttt tggatgaaaa actaaggacc tcat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 657 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

15

ctttttgttt gggtttcca atgttagatgt ctcaagtaaa tgtgcagata tactttgttc 60
cttatatatggt caccagggtt aattatggac aaatacatta aaacaagggt tcctggccca 120
gcctcccatc taatctcttt gataactctg gaatctaagt ctgaggagcg atttctgaat 180
tagccagggt tgcaccaact ttctgtttagg aattgttatta gaataacctt tcttttcag 240
acctgctcag tgagacatct tggggaatga agtaggaaaa tagacatttg gtggaaaaaac 300
agcaaaatga gaacattaaa aagactcatt caagtatgag tataaaggc atggaaattc 360
tggtcctttg agcaaaatga gaagaaaaaa ttctgctcag cagtattcac tgcgttaaga 420
tttttgttt tttacacgaa tggaaaaatg atgtgttaagt ggtatagatt ttaatcagct 480
aacagtcact ccagagattt tgatcagcac caattcctat agtagtaagt attaaaaagt 540
taagaaatac tactacattt aacattataa agtagatgtc tggacataac tgaaaattag 600
atgttgctt caatagaaat ttgttcccac ttgtatatttc aacaaaatta tcggaac

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1328 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

| | |
|----|---|
| 20 | acaattttaa aataaacttagc aattaatcac agcatatcag gaaaaagtac acagttagtt 60 ctggtagtt tttgtaggct cattatgggt agggtcgta agatgtatat aagaacctac 120 ctatcatgct gtatgtatca ctcattccat tttcatgttc catgcatact cgggcattcat 180 gctaataatgt atccctttaa gcactctcaa ggaaacaaaaa gggccttta tttttataaa 240 ggtaaaaaaaa attccccaaa tattttgcac tgaatgtacc aaaggtgaag ggacattaca 300 atatgactaa cagcaactcc atcacttgag aagtataata gaaaatagct tctaaatcaa 360 acttccttca cagtgccgtg tctaccacta caaggactgt gcatctaagt aataatttt 420 taagattcac tatatgtgat agtatgatat gcatttattt aaaatgcatt agactcttt 480 ccatccatca aataactttac aggatggcat ttaatacaga tatttcgtat ttccccact 540 gcttttatt tgtacagcat cattaaacac taagctcagt taaggagcca tcagcaacac 600 tgaagagatc agtagtaaga attccattt ccctcatcag tgaagacacc acaaattgaa 660 |
| 30 | actcagaact atatttctaa gcctgcatt tcactgtatc ataattttct tagtaatatt 720 aagagacagt ttttctatgg catctccaaa actgcattgc atcactagtc ttacttctgc 780 ttaattttat gagaaggat tcttcatttt aattgctttt gggattactc cacatcttg 840 tttatttctt gactaatcag atttcaata gagtgaagtt aaattggggg tcataaaagc 900 attggattga catatggttt gccagccat gggtttacag gcattgccc aacatttctt 960 |
| 35 | tgagatctat atttataagc agccatggaa ttccttattt gggatgttgg caatcttaca 1020 ttttatagag gtcataatgca tagtttcat aggtgtttt gtaagaactga ttgctctcct 1080 gtgagttaaag ctatgtttac tactgggacc ctcaagagga ataccacttata tgttacactc 1140 ctgcactaaa ggcacgtact gcagtgtgaa gaaatgttct gaaaaagggt tatagaaaatc 1200 tggaaataag aaaggaagag ctctctgtat tctataattt gaaagaaaaaa aaagaaaaaac 1260 |
| 40 | tttaactgg aaatgttagt ttgtacttat tgatcatgaa tacaagtata tatttaattt 1320 tgaaaaaaa |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 987 Basenpaare

5 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

10 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

25

| | | |
|----|---|-----|
| | aacagagact ggcacaggac ctcttcattg caggaagatg gtatgttagg caggtaacat | 60 |
| | ttagctctt tcaaaaaagg agagctctc ttcaagataa ggaagtggta gttatggtag | 120 |
| | taaccccccgg ctatcagtcc ggatgggtgc cacccttcct gctgttaggat ggaagcagcc | 180 |
| 30 | atggagtgaa agggaggcgcc aataagacac ccctccacag agcttggcat catgggaagc | 240 |
| | tggttctacc tcttcctggc tcctttgttt aaaggcctgg ctgggagcct tcctttggg | 300 |
| | tgtcttcctc ttctccaacc aacagaaaag actgctctc aaagggtggag ggtcttcatg | 360 |
| | aaacacagct gccaggagcc caggcacagg gctggggcc tggaaaaagg agggcacaca | 420 |
| | ggaggaggga ggagctggta gggagatgct ggcttacct aaggctcga aacaaggagg | 480 |
| 35 | gcagaatagg cagaggcctc tccgtccccag gcccattttt gacagatggc gggacggaaa | 540 |
| | tgcaatagac cagcctgcaa gaaagacatg tgttttgatg acaggcagtg tggccgggtg | 600 |
| | gaacaagcac aggccttggaa atccaatgga ctgaatcaga accctaggcc tgccatctgt | 660 |

cagccgggtg acctgggtca attttagcct ctaaaaggct cagtccctt atctgcaaaa 720
 tgaggcttgt gatacctgtt ttgaagggtt gctgagaaaa ttaaagataa gggtatccaa 780
 aatagtctac gccatacca ccctgaacgt gcctaatttc gtaagctaag cagggtcagg 840
 cctggtagt acctggatgg ggagagttatg gaaaacatac ctgcccgcag ttggagttgg 900
 5 actctgtctt aacagtagcg tggcacacag aaggcactca gtaaatactt gttgaataaa 960
 tgaagtagcg atttggtgtg aaaaaaaaa

(2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 42:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 956 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

35 cgacgggtgg ggcggacgcg tgggtgcagg agcagggcgg ctgccgactg ccccaaccaa 60
 ggaaggagcc cctgagtcgg cctgcgcctc catccatctg tccggccaga gccggcatcc 120

ttgcctgtct aaagccttaa ctaagactcc cgccccggc tggccctgtg cagaccttac 180
 tcagggatg tttaccttgt gctcgaaag ggagggaag gggccgggaa gggggcacgg 240
 caggcgtgtg gcagccacac gcaggcgccc agggcggcca gggacccaaa gcaggatgac 300
 cacgcaccc 5 cacgccactg cctcccccga atgcatttg aaccaaagtca aactgagc 360
 tcgcagcccc 10 cgccctcc ctccgcctcc catcccgctt agcgctctgg acagatggac 420
 gcaggccctg tccagcccc agtgcgctcg ttccggtccc cacagactgc cccagccaac 480
 gagattgctg gaaaccaagt caggccaggt gggcggacaa aagggccagg tgccctgg 540
 ggggaacgga tgctccgagg actggactgt tttttcaca catcggtgcc gcagcggtgg 600
 gaaggaaagg cagatgtaaa tgatgtgtg gtttacaggg tatattttg ataccttcaa 660
 tgaattaatt 15 cagatgtttt acgcaaggaa ggaattttttt agtattactg ctgttgc 720
 tttgatctct gcttaccgtt caagaggcgt gtgcaggccg acagtcggtg accccatcac 780
 tcgcaggacc aagggggcgg ggactgctgg ctcacgcccc gctgtgtcct ccctccctc 840
 cttcccttgg gcagaatgaa ttgcgtgcgtt attctgtggc cgccatctgc gcagggttgtt 900
 ggtattctgt catttacaca cgtcggtcta attaaaaagc gaattataact ccaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARÄKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 536 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

5 aaataaacac ttccataaca tttgtttc gaagtctatt aatgcaatcc cacttttc 60
 cccctagtt ctaaatgtta aagagagggg aaaaaaggct caggatagtt ttcacccac 120
 agttagtgc gtctttatt ttactcttg aaatagagac tccattaggg ttttgacatt 180
 ttggaaacctt agtttacca ttgtgtcaataaaacaataa gatagttga gagcatatga 240
 tctaaataaa gacatttggaa gggttagttt gaattctaaa agtaggtat agccaaatag 300
 10 cattctcatc ccttaacaga caaaaactta tttgtcaaaa gaatttagaaa aggtgaaaat 360
 atttttcca gatgaaactt gtgccacttc caattgacta atgaaataca aggagacaga 420
 ctggaaaaag tgggttatgc cacctttaaa acccttctg gtaaatatta tggtagctaa 480
 agggtggttt ccccggcacc tggacctgga cagtagggt tccgtggta accagt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

5 ggggaggggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgttt ccattcccttc ccagacaagc 120
~~tetattttta teacaatgac ettttagagag gteteeeagg eeageteaag gtgteeeact~~ 180
atccccctcg gagggaagag gcaggaaaat tctcccccggg tccctgtcat gctactttct 240
ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
10 gtgatttccc ttaggcccag gacttggggc tccagctcat ctgttcccttc tgggcccatt 360
catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
gactttacct gattgcctc agtttgggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggat tctagcaggg 540
gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcaggc cttgaaatgc attccatgtat 600
15 attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtt gggctagttt gtttgaatt taggggccga 660
tgagcttggg tacgtgagca ggggtttaag ttagggctg cctgtatttc tggtcccatt 720
ggaaatgtcc ctttcttcag tgcagaccc ctttccatcg tgcccatatcg tgcccagaaa 780
agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcaactc tgaccttagct agtgccttgt 840
20 gcccagtgtac ctgggggagc ctggctgcag gccctcaactg gttccctaaa ctttgggtggc 900
tgtgattcag tttttttttt gggactcagg gaggaaatatg gctgagtttct gtatttcca 960
gagttggctg ttagagcctt ctagagggtc agaatattag cttcaggatc agctgggggt 1020
atggaaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
tgagggacag tttttttttt ggacttacca gggtgatgtt agatctggaa cccccaagtg 1140
aggctggagg gagtttaaggt cagttatggaa gatagggttgg acagggttgc ttggaaatg 1200
25 aaagagtgtac ctttagagggc tccttggggc tcaggaatgc tcctgctgt gtgaagatga 1260
gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg 1320
ctgggtccct ttagcacac gagaactgggg ctaaggggccc ctcccaggaa agggacaccca 1380
tcaggcctct ggctgaggca ttagcataga ggttccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
actagcagga ggcagcctt agaaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500
30 cattgtcaact gcccctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
cctcttgccct tttttagaaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg 1620
aaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 169 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

15

tcttttgctt ttagctttt atttttgtat taacaggagt cttattacac ataggtctga 60
taaaaactggt ttatgatctt cagtctgatt ccagtgcgtc ataacttagat aacgtatgaa 120
ggaaaaaacga cgacgaacaa aaaagtaagt gcttgaaaga cttagttga

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 769 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

5

~~(vii) SONSTIGE HERKUNFT:~~

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

```

tgcaggtcat atttactatc ggcaataaaa ggaagcaaag cagtattaag cagcggtgg 60
atttgcgct ttcactttt ataaagtgt acataaaatg tcataattcc aaatttaaaa 120
15 acataactcc agttcttacc atgagaacag catggtgatc acgaaggatc ttcttgaaaa 180
aaacaaaaac aaaaacaaaa aacaatgatc tcttctgggt atcacatcaa atgagataca 240
aaggtgtact aggcaatctt agagatctgg caacttattt tatatataag gcatctgtga 300
ccaagagacg ttatgaatta aatgtacaaa tgtattatgt ataaatgtat taaatgcaag 360
cttcataataa tgacaccaat gtctctaagt tgctcagaga tcttgactgg ctgtggccct 420
20 ggccagctcc tttcctgata gtctgattct gccttcataat ataggcagct cctgatcatc 480
catgccagtg aatgagaaaa caagcatgga atatataaac tttaacattt aaaaatgttt 540
tatTTTgtaa taaaatcaaa ttcccattt aaaccttcaa aaacttgca gaatgaggtt 600
ttgatatatg tgtacaagta gtaccttctt agtgcaagaa aacatcattt tttctgtctg 660
cctgcctttt tgTTTTaaa aatgaagact atcattgaaa caagtttgc ttcagtatca 720
25 ggacatgttg acggagagga aaggtaggaa aggttaggg atagaagcc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2529 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

15

| | | | | | | | |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| | tttagttcat | agtaatgtaa | aaccatttgt | ttaattctaa | atcaaatcac | tttcacaaca | 60 |
| | gtgaaaatta | gtgactggtt | aagggtgtcc | actgtacata | tcatcatttt | ctgactgggg | 120 |
| | tcaggacctg | gtcctagtcc | acaagggtgg | caggaggagg | gtggaggcta | agaacacaga | 180 |
| | aaacacacaa | aagaaaggaa | agctgcctg | gcagaaggat | gaggtggta | gcttgcgcag | 240 |
| 20 | ggatgggtgg | aagggggctc | cctgttgccc | ccgagccagg | agtcccaagt | cagctctcct | 300 |
| | gccttactta | gctcctggca | gagggtgagt | ggggacctac | gaggttcaaa | atcaaatggc | 360 |
| | atttggccag | cctggcttta | ctaacaggtt | cccagagtgc | ctctgttggc | tgagctctcc | 420 |
| | tgggctca | ccatttcatt | gaagagtc | aatgattcat | tttccttaccc | acaactttc | 480 |
| | attattcttc | tggaaaccca | tttctgttga | gtccatctga | cttaagtct | ctctccctcc | 540 |
| 25 | actagttggg | gccactgcac | tgagggggggt | cccaccaatt | ctctctagag | aagagacact | 600 |
| | ccagaggccc | ctgcaacttt | gcggatttcc | agaaggtgat | aaaaagagca | ctcttgagtg | 660 |
| | ggtgcccagg | aatgtttaaa | atctatcagg | cacactataa | agctgggtgt | ttcttcctac | 720 |
| | caagtggatt | cggcatatga | accaccta | caatacttta | tattttgtct | gtttaaacac | 780 |
| | tgaactctgg | tgttgacagg | tacaaaggag | aagagatggg | gactgtgaag | agggggaggc | 840 |
| 30 | ttccctcatc | ttcctcaaga | tctttgttcc | cataaaactat | gcagtcataa | ttgagaaaaaa | 900 |
| | gcaatagatg | gggcttccta | ccatttggtg | gttattgctg | gggttagcca | ggagcagtgt | 960 |
| | ggatggcaaa | gtaggagaga | ggcccagagg | aaagcccattc | tccctccagc | tttggggct | 1020 |
| | ccagaaaagag | gctggatttc | tgggatgaag | cctagaaggc | agagcaagaa | ctgttccacc | 1080 |
| | aggtgaacag | tcctacactgc | ttggtaccat | agtccctcaa | taagattcag | aggaagaagc | 1140 |
| 35 | ttatgaaact | gaaaatcaaa | tcaaggtatt | gggaagaata | atttcccctc | gattccacag | 1200 |
| | gagggaagac | cacacaatat | cattgtgctg | gggctccccca | aggccctgcc | acctggctt | 1260 |
| | acaaatcatc | aggggttgcc | tgcttggcag | tcacatgctt | ccctggttt | agcacacata | 1320 |
| | caaggagttt | tcagggaaact | ctatcaagcc | ataccaaaat | cagggtcaca | tgtgggttc | 1380 |
| | cccttcctt | gcctcttcat | aaaagacaac | ttggcttctg | aggatggtgg | tctttgcatt | 1440 |
| 40 | gcagttggc | tgacctgaca | aagccccca | tttcctgtgg | caggttctgg | gagaggatgc | 1500 |
| | attcaagctt | ctgcagccta | ggggacagagg | ctgcttgc | agttattact | gcctcggagc | 1560 |
| | tccaaatccc | accaaagtcc | tgactccagg | tctttcctaa | tgcacagtag | tcagtctcag | 1620 |
| | cttcggcagt | attctcggt | gtatgttctc | tggcagagag | aggcagatga | acatagttt | 1680 |
| | agggagaaag | ctgatggaa | acctgtgagt | taagccacat | gtctcaccag | gaataattta | 1740 |
| 45 | tgccagaaaa | ccaggaagtc | attcaagttg | ttctctgagg | ccaaagacac | tgagcacacg | 1800 |
| | ccagagccaa | taaaagatct | ttgagtct | ggtgaattca | cgaagtgacc | ccagctttag | 1860 |

ctactgcaat tatgat~~ttttt~~ atggacagc aatttcttgc atctctacag aggaagaaga 1920
 gggggagtgg gaggggaagg aaagagaaca gagcggcact gggattgaa aggggaacct 1980
 ctctatctga ggagccccca ctggcttcag aagcaactta ccaagggtta tttaaagaca 2040
 tgaaaatttc cagaaatacc atttggtgca tccctttgtt tctgtaatat taaactcagg 2100
 5 tgaaaattata ctctgacagt ttctctctt ctgcctcttc cctctgcaga gtcaggacct 2160
 gcagaactgg ctgaaacaag atttcatggt gtcacccatg agagatgact caatgccaag 2220
 gcctgaagtt atagagtgtt tacagcggtg gcgatattca ggggtcatcg ccaactggc 2280
 tcgagttcca aagctctgat gaagaaacaa gactccttga tgtgttactg atcccactga 2340
 ttccaggagt caagattagc caggaagcca aacaccagga gttgggtgg cacgtcacca 2400
 10 gtccagagcc ctgccacgga ~~tgtacgcagg agcccagcat taggcaatca ggagccagaa~~ 2460
 catgatcacc agggccacaa ataggaagag gcgtgacagg aactgctcgt ccacataacct 2520
 ggggtgtcc

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1553 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

| | |
|----|--|
| | ttttttttt ttttgattt ctgggacaat taagcttat tttcatata tatatatatt 60 |
| 5 | ttcatatata tatatacata catatataaa gaaacaatt tgcaaattt cacacctgac 120 |
| | aaaaccatat atacacacat atgtatgcat acacacagac agacacacac acccgaaagct 180 |
| | ctagccaggc ccgtttcca tccctaagta ccattcttc atttggccc ttctagggtt 240 |
| | ggggccctga gcttggttg tagaagttt gtgctaataat aaccatagct ttaatcccc 300 |
| | tgaaggacag tgttagacctc atctttgtct gctccccgt gccttcagt ttacgtgat 360 |
| | ccatcaagag ggctatggga gccaagtgaa cacggggat tgaggcta at tcacctgaac 420 |
| | <u>tcgaaaacag cgcccaagctt ctcacccgc ggcacgcgtc tttctttt tttccctcga 480</u> |
| 10 | gacggagtct cgctgtgtt cccaggctgg agtgcagtgg cacggctcg gctcaactgca 540 |
| | agctccacct cctggattca taccattctc ctgcctcagc cttccgagta gctggacta 600 |
| | taggtccaa ccactacgcc tagctaattt tttttgtat ttttagtaga gacagggttt 660 |
| | caccgtgtt gccaggatgg ttcgtcctg actttgtat ccggccgcct cggccctccca 720 |
| 15 | aagtgtctggg attacaggcg ttagccacca cacctggccc cggcacgtat ctttaagga 780 |
| | atgacacccag ttccctggctt ctgacccaaag aaaaaatgtc acaggagact ttgaagaggc 840 |
| | agacaggagg gtgggtggcag caacactgca gctgctctg gatgctgctg ggggtgctc 900 |
| | cgagcgggt gtgaacagcg cactcaaca tgagcaggcg cttggctccg gtgtgtcctc 960 |
| | acttcagtgg tgcaccttgg tggtaaggc cagccttgg ggcaggaaac cagtcagag 1020 |
| | aggctaccca gtcagctgc tgcaggagc caggtattt cagccataat gtgtgtaaag 1080 |
| | aaaaaacacq ttctgcaaga aactctccca cccgctcggg agactgggc tccttgctt 1140 |
| | ggatgagctt cactcaacgt ggagatggg gtggactggg ccctgaaaag cgggccttgc 1200 |
| | agggccaagt gaggtccctca ggtcctaacc ccagtggccc tctgaaaggg ggtgtgcagg 1260 |
| | cgaggggagc aggaggcttc tctctagtcc ctggggaggc ttggctgag agaagagtga 1320 |
| 25 | gcagggagct gggaatggc caggcaggga agggagctga agtgatcgg gctaatgcc 1380 |
| | tcaagatcgat gtatttctct ccctggctc ccggagccct ctgtcaccg ctgctgcct 1440 |
| | gcaggaggcc catctcttctt ggagcttat ctgacttaac ttcaactaca agttcgctct 1500 |
| | tacgagaccg gggtagcgt gatctcctgc ttccctgagc gcctgcacgg cag |

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 921 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- ~~(A) BIBLIOTHEK: cDNA library~~

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

10

```

ctgtggtccc agctactcg gaggctgagg cgggaggatt gcttgagccc aggagttgga 60
tgttcagtgc agccaagatc gcaccattgc cttccactct gggccacgga gcaataccct 120
gtctcagaaa acaaacaaca aaaagcagaa acgctgaagg ggtcggttta cgggaaaacc 180
15 gcctgtcaga acacttggct actccttaccc cagatcagtg gacctggaa tgagggttgg 240
tccccggagg ctttctcca agctgttgc accagaccgg ccatgggaac cctggccaca 300
gaaggcctccc ggggagtgag ccagagcctg gaccgctgtg ctgatgtgtc tgggggtggag 360
ggagggtggg gagtgtaaa gggtgtgtgt gtggccgggg ggtgttcatg ggcaagcatg 420
20 tgcgtgcctg tgtgtgtgcg tgccccctccc ctgcagccgt cggtgttata tccctccagc 480
cccttcgccta cttctcgagc attgtctgtc cacgtgagac tgccccagaga cagcagagct 540
ccacgtgggt ttaaggggag acctttccct ggacctgggg gtctcgccgt atctcatgac 600
caggtgctaa atgaccgcac atgcatttca tgcctttcga tgaccaacct ccctgtcccc 660
25 gtcccgctga cctgcccccg tggcgtctca cggtgatgcc tgctcctgac attgggttgc 720
actgttagcaa actacattct ggatggaaat ttcatgtac atgtgtggca tgtggaaaat 780
ttcaaataaa atggacttga tttagaaagc caaaaagctg tgtggcctt ccagcacgg 840
tactttgacc tcttgcttac aacccttcc ttgggtccga ggctggtagc tttgttcaact 900
ttagatggtt gggggcggtt g

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 338 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 35 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

atgatctatac tagatgcctt accgtaaaat caaaacacaa aaccctactg actcattccc 60
 tcccttccag atattacccc atttctctac ttcccatgtt agccaaactt tccaaaaatt 120
 catgttctgt cttcatttcc tcattgttcaa cccaccctgt cttagctacc acccctca 180
 20 aacgacctag cctgggtaga aacaaatgtc agcatgatac catactcaat gatccttcgt 240
 cactgttgta attgtcatca ttccatggcc ttactttccc tctcagcgcc atttgctaca 300
 gtaagaaaact ttctttcttg aattcttggt tctcttgg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1191 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

15

```

ctagcaagca ggttaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccggggatgg 60
ctgtgttgtc ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggctct ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctctt gaaggaaaag ggcttgcctt gctgccgttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtccgg 360
aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420
ccccgctcctt ctccccccagg aggctccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttctt aagaatggaaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
atggaatcag cagcggaaaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttcttagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatctt 780
aaaaaagctga actgcaaatac tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagac 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgaccc tccaaagtcc tacataacctt 960
ctaggttaag gaaggagata aatgaagaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaagac tggagaaaagt acagttctgt 1080
cttccaatac ctctggccat cagatgactt taaaaggtac aggagaaaa gtttaagatg 1140
atgggcaaaa gtccagtgtt ttcagtaaag tgctaatcac aagttggagg t

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1200 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

| | | | | | | |
|---------------|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|------|
| aacagggact | ctcactctat | caaccccaagg | ctggagtcgg | gtgcggccac | cctggctccc | 60 |
| tgcaacacctcc | gcctcccaagg | ctcaagcaac | tctcctgcct | cagtcgtct | agttagctggg | 120 |
| actacaggca | cacaccacca | tgcccagcca | atttttgcatt | tttttgtaga | gacagggttt | 180 |
| cgccttctgt | ccaggccggc | atcatataact | ttaaatcatg | cccagatgac | ttaataacct | 240 |
| aataacaatat | atcaggttgg | tttaaaaaata | attgtttttt | tattattttt | gcatttttgc | 300 |
| accaaccta | atgctatgtt | aatagttgtt | atactgttgc | ttaacaacag | tatgacaatt | 360 |
| ttggcttttt | ctttgtatta | ttttgtattt | ttttttttta | ttgtgtggtc | tttttttttt | 420 |
| ttctcagtgt | tttcaattcc | tccttgggtt | aatccatgg | tgcaaaaccc | acagatatga | 480 |
| agggctggct | atatatgcat | tgatgattgt | cctatttat | tagttataaa | gtgtcattta | 540 |
| atatgtatgt | aaagttatgg | tacagtggaa | agagtagttt | aaaacataaa | catttggacc | 600 |
| tttcaagaaa | ggtagttgg | tgaagttttt | caccccaaa | ctatgtccca | gtcagggctc | 660 |
| tgctactaat | tagctataat | ctttgcacaa | attacatcac | ctttgagtct | cagttgcctc | 720 |
| acctgtaaaa | tgaaagaact | ggataactctc | taaggtcact | tccagccctg | tcattctata | 780 |
| actctgttat | gctgaggaag | aaattcacat | tgtgttaact | gtatgagtca | aactgaaaat | 840 |
| gattattaaa | gtgggaaaaaa | gccaaattgt | tctcttagaa | agctcaacta | aatttgagaa | 900 |
| gaataatctt | ttcaattttt | taagaattta | aatatttttta | agggttgac | ctatttattt | 960 |
| agagatgggg | tctcactctg | tcacccagac | tggagtacag | tggcacaatc | atagctcact | 1020 |
| 40 gtcgcctcaa | attcatggc | tcaagtgate | ctcctgcctc | tgcctccaga | gtagctgcga | 1080 |

ctatgggcat gtgccaccac gcctggctaa catttgtatt gacctattta tttattgtga 1140
 ttatatctt tttttttttt tcctttttttt ttttttacaa aatcagaaaat acttattttg 1200

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

30 aagccaccac tcaaaaacttc ctatacattt tcacagcaga gacaagtcaa cattttttttt 60
 tatgcctttc ttccttatgtg tatttcaagt cttttcaaa acaaggcccc aggactctcc 120
 gattcaatta gtccttgccc tggtcgactg tgcaggagtc cagggagcct ctacaaatgc 180
 agagtgactc tttaccaaca taaaccctag atacatgcaa aaagcaggac ctttcctcca 240
 35 ggaatgtgcc atttcagatg cacagcaccc atgcagaaaa gctggaattt tccttgaaac 300
 cgactgtgat agaggtgctt acatgaacat tgctactgtc tttctttttt tttgagacag 360

gtttcgcttg tgcccaggct gagtgcaatg cgtgatctca ctcactgcaa ttccacacctc 420
 aggttcaagc attctctgc tcagcctcct agtagctggg ttacaggcac tgccaccatg 480
 ccggctaatt ttgtatTTT gtagagatgg atttctccat ttggcaggc ggtctcgAAC 540
 cccaacctca gtgatctGCC acctcagcct cctaagtgtt ggattacagg atgagccacc 600
 5 cgaccggcca ctactgtctt tctttgacCC ttccAGTTTC gaagataaAG aggaaATAAT 660
 ttctctgaag tacttgataa aatttccaaa caaaACACAT gtccacttca ctgataaaaa 720
 atttaccgca gtttggcacc taagagtatg acaacagcaa taaaaAGTAA tttcaAGAG 780
 ttaagatttc ttcaGCAAAA tagatgatTC acatCTTCAA gtccttttg aaatcAGTTA 840
 ttaatattat tctttcctca ttccatctg aatgactgca gcaatAGTTT tttttttttt 900
 10 ~~tttttttttt ttgcgagatg gaatctcgct ctgtcgccca gccccggatgc actgggegeaa~~ 960
 gcccggctca ccgcaatctc tgccaccccg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 250 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

5 catttccccca ttggtcctga tggtaagat ttagttaaag aggctgtaag tcaggttcga 60
gcagaggcta ctacaagaag taggaaatca agtccctcac atgggctatt aaaacttaggt 120
agtggtgag tagtaaaaaa gaaatctgag caacttcata acgtaactgc ctttcaggaa 180
aaagggcatt ctttaggaac tgcatcttgt aaccacacc ttgatccaag agctaggaa 240
acttcagttg

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

| | | | | | | | |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| | gcgcccccg a | gcagcggccg | cgcctccgc | gccttctccg | ccgggacctc | gagcgaaaga | 60 |
| | ggcccgcg | ccgcccagcc | ctcgccctccc | tgcccacccg | gcacaccccg | ccgccacccc | 120 |
| | gaccggctg | cgcacggcct | gtccgctgca | caccagctt | ttggcgctt | cgtcgccc | 180 |
| 5 | ctcgccccgg | gctactcctg | cgcgccacaa | tgagctccc | catcgccagg | gcgctcgct | 240 |
| | tagtgcgtac | ccttctccac | ttgaccagggc | tggcgcttc | cacctgcccc | gctgcctgcc | 300 |
| | actgccccct | ggaggcgc | aagtgcgc | cgggagtcgg | gctggccgg | gacggctg | 360 |
| | gctgctgtaa | ggtctgcgc | aagcagctca | acgaggactg | cagcaaaaacg | cagccctg | 420 |
| | accacaccaa | ggggctggaa | tgcaacttc | gcccacatc | caccgctctg | aaggggatct | 480 |
| 10 | gcagagctca | gtcagagggc | agaccctgt | aatataactc | cagaatctac | aaaaacgggg | 540 |
| | aaagttcca | gcccacatgt | aaacatcagt | gcacatgtat | tgatggcg | gtgggctgca | 600 |
| | ttcctctgt | tcccaagaa | ctatctctcc | ccaaacttggg | ctgtcccaac | cctcggt | 660 |
| | tcaaagtac | cgggcagtgc | tgcgaggagt | gggtctgtga | cgaggatagt | atcaaggacc | 720 |
| | ccatggagga | ccaggacggc | ctccttggca | aggagctggg | attcgatgcc | tccgagg | 780 |
| 15 | agttgacgag | aaacaatgaa | ttgatttgcag | ttggaaaagg | cagctactg | aagcggctcc | 840 |
| | ctgttttgg | aatggagcct | cgcatttat | acaacccttt | acaaggccag | aatgtattt | 900 |
| | ttcaaaacaac | ttcatgttcc | cagtgc | agacactgtgg | aactgttac | tccacacgag | 960 |
| | ttaccaatga | caaccctgag | tgccgcctt | tgaaagaaac | ccggattt | gaggtgcggc | 1020 |
| | cttgtggaca | gccagtgtac | agcagcctg | aaaagggcaa | gaaatgc | aagaccaaga | 1080 |
| | aatcccccg | accagttagg | tttacttacg | ctggatgttt | gagtgtgaag | aaataccggc | 1140 |
| | ccaagta | cgttctgc | gtggacggcc | gatgctgcac | gcccagctg | accaggactg | 1200 |
| | tgaagatgcg | gttccgtgc | gaagatgggg | agacattttc | caagaacgtc | atgatgatcc | 1260 |
| | agtcctgca | atgcaactac | aactgccc | atgcaatga | agcagcg | cccttctaca | 1320 |
| | ggctgttcaa | tgacatttac | aaatttaggg | actaaatgt | acctggg | ccagggcaca | 1380 |
| | cctagacaaa | caaggagaa | gagtgtcaga | atcagaatca | tggaaaaat | gggcgggggt | 1440 |
| 25 | ggtgtgggt | atgggactca | ttgttagaaag | gaagccttgc | tcatttctga | ggagcattaa | 1500 |
| | ggtatttcg | aactgccaag | gggtctggg | cgatggaca | ctaattgc | cacgatttga | 1560 |
| | gaataactt | cttcata | ttggagcaca | tggtactgt | tcattttt | gcttgtggag | 1620 |
| | ttgatgactt | tctgttttct | gtttgtaaat | tatttgc | gcatattttc | tctaggctt | 1680 |
| | tttccctttt | gggttctaca | gtcgtaaaag | agataataag | attagtt | cagttaaag | 1740 |
| 30 | cttttattcg | tccttgc | aaagtaat | ggagggcatt | ccatcccttc | ctgaaggggg | 1800 |
| | acactccatg | agtgtctgt | agaggcag | atctgcactc | taaactgc | acagaaatca | 1860 |
| | ggtgtttaa | gactgaatgt | tttattt | aaaatgt | tttggggag | ggaggggaaa | 1920 |
| | tgtaatactg | gaataattt | taatgtatt | taatttata | ttcagt | agattttatt | 1980 |
| | tatggatta | accatttaat | aaagaaat | ttacctaata | tctgagt | tgccattcg | 2040 |
| 35 | tatttttaga | ggtgtccaa | agtcattt | aacaacctag | ctcacgt | caatttattca | 2100 |
| | aacaggactt | atgggatac | agcagt | taagctt | aaataagata | atgattgtt | 2160 |
| | ttatacc | agttagagaaa | agtcttgc | tataaagtaa | tgtttaaaaa | acatgtattt | 2220 |
| | aacacgacat | tgtatga | acaataaaga | ttctga | aaaaaaa | aaaaaaa | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1636 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

~~(iii) ANTI-SENSE: NEIN~~

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

| | |
|----|---|
| 20 | cttgaatgaa gctgacacca agaaccgcgg gaagagcttg ggcccaaagc aggaaaggga 60 agcgctcgag ttggaaagga accgctgctg ctggccgaac tcaagcccgg gcgcccccac 120 cagtttgatt ggaagtccag ctgtgaaacc tggagcgtcg cttctcccccc agatggctcc 180 tggtttgctt ggtctcaagg acactgcatt gtcaactgta tcccctggcc gttggaggag 240 cagttcatcc ctaaagggtt tgaagccaaa agccgaagta gcaaaaatga gacgaaaggg 300 cggggcagcc caaaagagaa gacgctggac tgtggtcaga ttgtctgggg gctggcccttc 360 agcccgtggc cttccccacc cagcaggaag ctctggcac gcccaccacc ccaagtgcc 420 gatgtctctt gcctggttct tgctacggga ctcaacgatg ggcagatcaa gatctggag 480 gtgcagacag ggctcctgct tttgaatctt tccggccacc aagatgtcgt gagagatctg 540 agcttcacac ccagtggcag tttgattttg gtctccgcgt cacggataa gactcttcgc 600 atctgggacc tgaataaaaca cgtaaacag attcaagtgt tatcggcca cctgcagtgg 660 |
| 30 | gtttactgct gttccatctc cccagactgc agcatgctgt gctctgcagc tggagagaag 720 tcgggttttc tatggagcat gaggtcctac acgttaattc ggaagctaga gggccatcaa 780 agcagtgttg tctcttgta ctctcccccc gactctgccc tgcttgtcac ggcttcttac 840 gataccaatg tgattatgtg ggaccctac accggcgaaa ggctgaggc actccaccac 900 acccaggttg accccgccat ggatgacagt gacgtccaca tttagctcaact gagatctgtg 960 |
| 35 | tgcttcctc cagaaggctt gtaccttgcc acgggtgcag atgacagact cctcaggatc 1020 tggccctgg aactgaaaac tcccattgca tttgctcccta tgaccaatgg gctttgtcgc 1080 acattttttc cacatggtgg agtcattgcc acagggacaa gagatggcca cgtccagttc 1140 tggacagctc ctagggtcct gtccctactg aagcaacttat gccggaaagc ctttcgaagt 1200 ttcctaacaac ttaccaagt cctagcactg ccaatccccca agaaaatgaa agagttcctc 1260 |
| 40 | acatacagga cttttaagc aacaccacat cttgtgcttc tttgttagcag ggtaaatcgt 1320 cctgtcaaag ggagttgtcga aataatggg ccaaacatct ggtcttgcat taaaatagca 1380 tttcttggtt attgtgata gaatgttagca aaaccagatt ccagtgtaca taaaagaatt 1440 tttttgtctt taaatagata caaatgtcta tcaactttaa tcaagttgta acttataattg 1500 aagacaattt gatacataat aaaaaattat gacaatgtcc tggaaaaaaa aaaatgtaga 1560 |

aagatggta agggatggat ggatgaggag cgtggtgacg ggggcctgca gcgggttggg 1620
gaccctgtgc tgcgtt

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 460 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

30 ccatgtgt atgagagaga gagagattgg gagggagagg gagctcacta ggcataatgt 60
gcctccaggg ggctgcagat gtgtctgagg gtgaggctgg tgaaagagaa gacaaaagaa 120
tggaatgagc taaagcagcc gcctggggtg ggaggccgag cccatttgta tgcagcaggg 180
ggcaggagcc cagcaaggga gcctccatc ccaggactct ggagggagct gagaccatcc 240
35 atgcccgcag agccctccct cacactccat cctgtccagc cctaatttgtc caggtgggaa 300
aactgaggct gggaaagtac atagcaagt actggcagag ctggactgg aacccaacca 360

gcctcctaga ccacggttct tcccatcaat ggaatgctag agactccagc caggtggta 420
 ccgagctcgat attcgtaatc atggtcatacg ctgttccctg

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1049 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

30

atctgatcaa gaataacctgc cctggtaact ctgcggatgt ttctgtccac ttgttcacat 60
 tgaggaccaa gatatccctt tttacagagg cacttggtcg gtctaacaaca gacaccccca 120
 tgacgacatg ctggctcaca ttttgcagtt ctgcagaagt ccccccccca gcctggacta 180
 cagcagcact ttcccgtggg ggtgcagtag ccgtttcgac agagcctgga gcactctgaa 240
 35 gtcagtgct gtgcagggtt acccggtgc ctgcattccct caggcattaa aggtcttttg 300
 ggatctacaa ttttgttagag tttccattt tgagtctggg tcatactttt actgcttgat 360

aaaatgtaaa cttcacctag ttcatcttct ccaaataccca agatgtgacc ggaaaagttag 420
 cctctacagg acccactagt gccgacacag agtggtttt cttgccactg ctttgtcaca 480
 ggactttgct ggagagttag gaaattccca ttacgatctc caaacacgta gcttccatac 540
 5 aatcttctg actggcagcc ccggatataca aatccaccaa ccaaaggacc attactgaat 600
 ggcttgaatt ctaaaagtga tgcttcactt tcataatctt tcccctttat tatctgtaga 660
 attctggctg atgatctgtt ttttccattt gagtctgaac acagtatcgtaaaatttgatg 720
 tttatatcatcg tggatgtct atccacagca catctgcctg gatcgtagg cccatgagca 780
 aacacttcgg ggggctgggt ggtgctgtt aagtgtgggt tgctccttgg tatggaataa 840
 ggcacgttgc acatgtctgt gtccacatcc agccgttagca ctgagcctgt gaaatcactt 900
 10 ~~aacccatcca tttcttccat atcatccagt gtaatcatcc catcaccaag aatgatgtac 960~~
 aaaaacccgt cagggccaaa gaggcgttgc cctccagat gctttctgtg gagttctgca 1020
 acttcaagaa agactctggc ttttctcaa

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 747 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5 ttttcaaata cacatatggc ttcttgacc ccatcaaata actttattca cacaaacgtc 60
ccttaattta caaaggctca gtcattcata cacattaggg gatccacagt gttcaaggaa 120
cttaaatata atgtatcata ccaacccaag taaaccaagt aaaaaaaaata ttcatataaa 180
gttgttcaca cgttaggtcct agattaccag cttctgtgca aaaaaaggaa atgaagaaaa 240
atagatttat taacttagtat tgaaaactaa ctttgcct ggcttaaaac ctccctcacg 300
ctcgctgtc ccacacaaat gttaagaag tcactgcaat gtactccccg gctctgatga 360
aaagaagccc ctggcacaaa agattccagt gccctgaag aggctccctt ctcctgtgg 420

10 gctctcttag aaaaccagcg ggacggcctc cctgctgata ccgtctataa ccttaggggg 480
ccctcgggca ggcaacggca gtggactcat ctcggtgatg gctgtagatg ctaacactgg 540
ccaattcaat gccacaccta ctggttaccc tttgagggca tttctccaga cagaagcccc 600
ttgaagccta ggtagggcag gatcagagat acaccgtgt ttgtctcgaa gggctccaca 660
gcccagtacg acatgctgc agaagtagta tctctggact tctgcctcca gtcgaccggc 720

15 cgcgaaattta tagtaatag cgccgc

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

5

a) ~~eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No.~~
1 bis Seq. ID No. 59

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

10

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

15

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

20

3. Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind.

25

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

30

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

- 5
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

- 10
-
7. ~~Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.~~

- 15
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 3000 bp aufweist.

- 20
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp aufweist.

- 25
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2600 bp aufweist.

- 30
11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 12, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

5

-
14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

10

15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15

16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.

20

17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 11.

25

18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

30

19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

- 100
20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

-
21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

23. Polypeptidsequenz, exprimiert von einer der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

20

24. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

25. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

26. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

5

-
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 in sense oder antisense Form.

10

29. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.

15

30. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.

20

31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptidsequenz gemäß den Ansprüchen 23 bis 25.

25

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

30

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

5

-
35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 34, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

- 10 36. Verwendung gemäß Anspruch 35, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

- 15 37. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 und der Peptide gemäß den Ansprüchen 23 bis 25, entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, 20 thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artheriosklerose und Verletzungen des Nervengewebes.

Zusammenfassung

Es werden Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon 5 kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die ~~Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.~~

